



TUGAS AKHIR - SS141501

**IDENTIFIKASI WILAYAH KANTONG PENYAKIT DEMAM
BERDARAH *DENGUE* (DBD) DENGAN *FLEXIBLY SHAPED
SPATIAL SCAN STATISTIC* MELALUI PEMODELAN
*GEOGRAPHICALLY WEIGHTED NEGATIVE BINOMIAL
REGRESSION* (GWNBR)
(STUDI KASUS JUMLAH KASUS DBD DI JAWA TIMUR)**

FEFY DITA SARI
NRP 1312 100 054

Dosen Pembimbing
Dr. Purhadi, M.Sc

Program Studi S1 Statistika
Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam
Institut Teknologi Sepuluh Nopember
Surabaya 2016



FINAL PROJECT - SS141501

**RISK REGIONAL IDENTIFICATION OF DENGUE
HAEMORRHAGIC FEVER (DHF) WITH *FLEXIBLY SHAPED
SPATIAL SCAN STATISTIC THROUGH GEOGRAPHICALLY
WEIGHTED NEGATIVE BINOMIAL REGRESSION*
(GWNBR) MODELLING
(CASE STUDY NUMBER OF DHF CASES IN EAST JAVA)**

**FEFY DITA SARI
NRP 1312 100 054**

**Dosen Pembimbing
Dr. Purhadi, M.Sc**

**Undergraduate Programme of Statistics
Faculty of Mathematics and Natural Sciences
Sepuluh Nopember Institute of Technology
Surabaya 2016**

LEMBAR PENGESAHAN

**IDENTIFIKASI WILAYAH KANTONG PENYAKIT DEMAM
BERDARAH *DENGUE* (DBD) DENGAN *FLEXIBLY SHAPED*
SPATIAL SCAN STATISTIC MELALUI PEMODELAN
GEOGRAPHICALLY WEIGHTED NEGATIVE BINOMIAL
REGRESSION (GWNBR)
(STUDI KASUS JUMLAH KASUS DBD DI JAWA TIMUR)**

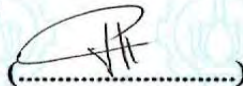
TUGAS AKHIR

Diajukan Untuk Memenuhi Salah Satu Syarat
Memperoleh Gelar Sarjana Sains
pada
Program Studi S-1 Jurusan Statistika
Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam
Institut Teknologi Sepuluh Nopember

Oleh :
FEFY DITA SARI
NRP. 1312 100 054

Disetujui oleh Pembimbing Tugas Akhir :

Dr. Purhadi, M.Sc
NIP. 196202041987011001



Mengetahui
Ketua Jurusan Statistika FMIPA-ITS

Dr. Suhartono
NIP. 197109291995121001

SURABAYA, JANUARI 2016

**Identifikasi Wilayah Kantong Penyakit Demam Berdarah
Dengue (DBD) dengan *Flexibly Shaped Spatial Scan Statistic*
melalui Pemodelan *Geographically Weighted Negative
Binomial Regression*
(Studi Kasus Jumlah Kasus DBD di Jawa Timur)**

Nama : Fefy Dita Sari
NRP : 1312100054
Jurusan : Statistika FMIPA-ITS
Pembimbing : Dr. Purnadi, M.Sc

ABSTRAK

*Menurut Laporan Profil Kesehatan Jawa Timur tahun 2013, Jawa Timur adalah provinsi dengan jumlah kejadian luar biasa (KLB) DBD tertinggi di Indonesia dengan angka kematian masih di bawah target yakni 1,04 persen. Dalam penelitian ini dilakukan pendeteksian wilayah kantong penyakit DBD dengan *Flexibly Shaped Spatial Scan Statistic*. Untuk melakukan pendeteksian tersebut dibutuhkan nilai ramalan jumlah kasus DBD di setiap kabupaten. Nilai ramalan dapat diperoleh dengan melakukan pemodelan melalui GWNBR. Hasil penelitian dengan pembobotan *Fix Gaussian* diperoleh 2 kelompok wilayah yang dikelompokkan berdasarkan variabel yang signifikan. Kelompok 1 adalah kelompok dengan variabel signifikan persentase rumah tangga berperilaku hidup bersih dan sehat sedangkan kelompok 2 tidak terdapat variabel yang signifikan. Hasil *Flexibly Shaped Spatial Scan Statistic* menunjukkan bahwa terdapat dua belas kantong DBD. Daerah paling rawan yaitu Kota Surabaya yang memiliki nilai resiko relatif sebesar 3,16. Daerah dengan resiko terbesar kedua yakni Kabupaten Bondowoso dan Kabupaten Jember dengan resiko relatif sebesar 2,10. Kabupaten dengan resiko relatif tertinggi ketiga yakni Kabupaten Sampang dengan resiko relatif 1,92.*

Kata Kunci— DBD, *Flexibly Shaped Spatial Scan Statistic*, GWNBR

(halaman ini sengaja dikosongkan)

**Risk Regional Identification of Dengue Haemorrhagic Fever
(DHF) with *Flexibly Shaped Spatial Scan Statistic* through
Geographically Weighted Negative Binomial Regression
Modelling
(Case Study Number of DHF Cases in East Java)**

Nama : Fefy Dita Sari
NRP : 1312100054
Jurusan : Statistika FMIPA-ITS
Pembimbing : Dr. Purhadi, M.Sc

ABSTRACT

According to the East Java Health Profile Report on 2013, East Java province is province with highest extraordinary events of DHF in Indonesia with case fatality rate is still below the target of 1.04 percent. In this study the detection of risk regional of DHF performed by using Flexibly Shaped Spatial Scan Statistic method. Forecast value of DHF cases in each district is needed to perform the detection. Forecast value can be obtained by doing modelling through GWNBR. The study result using Fixed Gaussian weighting shows that there are two groups region grouped by the significant variables. 1st group is a group with a significant variable is percentage of households with clean and healthy behaviour while the second group there are no significant variables. Result of Flexibly Shaped Spatial Scan Statistic shows that there are twelve risk region of DHF. The most vulnerable area is Surabaya city, which has relative risk value 3.16. The second vulnerable area are Bondowoso and Jember district with a relative risk of 2.10. District with the third highest relative risk is Sampang with a relative risk of 1.92.

Keywords— DHF, *Flexibly Shaped Spatial Scan Statistic*, GWNBR

(halaman ini sengaja dikosongkan)

KATA PENGANTAR

Assalamu'alaikum Warahmatullah Wabarokatuh.

Alhamdulillahirobbil'alamin. Puji syukur senantiasa penulis panjatkan kehadirat Allah SWT yang telah melimpahkan rahmat, hidayah dan karunia-Nya sehingga penulis dapat menyelesaikan Tugas Akhir dengan judul **“Identifikasi Wilayah Kantong Penyakit Demam Berdarah *Dengue* (DBD) dengan *Flexibly Shaped Spatial Scan Statistic* melalui Pemodelan *Geographically Weighted Negative Binomial Regression* (Studi Kasus Jumlah Kasus DBD di Jawa Timur)”** dengan lancar dan tepat waktu.

Keberhasilan penyelesaian laporan Tugas Akhir ini tidak terlepas dari partisipasi dan dukungan dari berbagai pihak. Oleh karena itu, dengan segala kerendahan hati penulis mengucapkan terima kasih yang sebesar-besarnya kepada:

1. Bapak, Ibu dan Keluarga Besar Penulis atas do'a dan kasih sayang yang begitu besar sehingga Penulis terus memiliki kekuatan dan semangat dalam menjalani proses perkuliahan dan menyelesaikan Tugas Akhir ini.
2. Kementerian Riset dan Teknologi Dirjen Perguruan Tinggi atas pemberian beasiswa Bidikmisi sehingga penulis dapat menempuh kuliah hingga terselesaikannya Tugas Akhir ini.
3. Bapak Dr. Purhadi, M.Sc selaku dosen pembimbing yang senantiasa memberikan ilmu, perhatian, bimbingan dan pengarahan dengan begitu baik selama menyelesaikan Tugas Akhir ini dan semoga senantiasa diberkahi oleh-Nya.
4. Bapak Dr. I Nyoman Latra, MS dan Ibu Santi Wulan Purnami, M.Si, Ph.D selaku tim penguji yang telah memberikan ilmu, kritik dan saran membangun untuk kesempurnaan Tugas Akhir ini.
5. Bapak Dr. Suhartono, M.Sc selaku Ketua Jurusan Statistika ITS dan Ibu Dra. Lucia Aridinanti, M.Sc selaku Ketua Prodi

S1 Statistika yang telah memfasilitasi penulis selama menuntut ilmu di Jurusan Statistika ITS.

6. Ibu Dra. Sri Mumpuni Retnaningsih, MT selaku dosen wali dan seluruh Bapak-Ibu dosen Statistika atas segala bimbingan dan ilmu yang telah diberikan, serta seluruh staf dan karyawan Jurusan Statistika ITS atas pelayanannya selama ini.
7. Ibu Shofi Andari, Mas Wahendra Pratama, Nazmatuz Zahroh, Akhmad Rayzha Naufal dan Mbak Urifah Hidayanti yang telah menemani diskusi demi kelancaran Tugas Akhir penulis.
8. Teman-teman seperjuangan S1 PW 113 atas kebersamaan dalam menyelesaikan Tugas Akhir, dan semua rekan-rekan statistika D3/S1 angkatan 2012 atas segala motivasi, bantuan dan semangatnya.
9. Keluarga Besar KOPMA ITS terutama jajaran direksi 2015/2016 dan bidang Humas yang telah selalu mengingatkan dan memotivasi.
10. Teman-teman Senior, adek-adek angkatan 2013-2015 yang telah memberikan begitu banyak pengalaman di Statistika. Serta semua pihak yang telah banyak membantu penulis yang tidak dapat disebutkan satu persatu.

Semoga kebaikan dan bantuan yang telah diberikan kepada penulis dibalas dengan kebaikan yang lebih oleh Allah SWT. Amin.

Penulis menyadari bahwa Tugas Akhir ini masih terdapat kekurangan, oleh karena itu kritik dan saran yang bersifat membangun sangat diharapkan. Semoga Tugas Akhir ini dapat memberikan manfaat baik bagi penulis, pembaca, dan semua pihak.

Wassalamu'alaikum Warahmatullah Wabarokatuh.

Surabaya, Januari 2016

Fefy Dita Sari

DAFTAR ISI

	Halaman
HALAMAN JUDUL	i
LEMBAR PENGESAHAN	iii
ABSTRAK	v
ABSTRACT	vii
KATA PENGANTAR	ix
DAFTAR ISI	xi
DAFTAR GAMBAR	xv
DAFTAR TABEL	xvii
DAFTAR LAMPIRAN	xix

BAB I PENDAHULUAN

1.1	Latar Belakang.....	1
1.2	Rumusan Masalah	3
1.3	Tujuan Penelitian.....	3
1.4	Manfaat Penelitian.....	4
1.5	Batasan Masalah.....	4

BAB II TINJAUAN PUSTAKA

2.1	Statistika Deskriptif.....	5
2.2	Multikolinieritas	6
2.3	Regresi Poisson	7
	2.3.1 Estimasi Parameter Model Regresi Poisson	8
	2.3.2 Pengujian Parameter Model Regresi Poisson	10
	2.3.3 Overdispersi.....	11
2.4	Regresi Binomial Negatif.....	11
	2.4.1 Estimasi Parameter Model Regresi Binomial Negatif.....	12
	2.4.2 Pengujian Parameter Regresi Binomial Negatif.....	15
2.5	Pengujian Spasial.....	16
	2.5.1 Pengujian Heterogenitas Spasial	16

2.5.2	Pengujian Dependensi Spasial	17
2.6	<i>Geographically Weighted Negative Binomial Regression (GWNBR)</i>	17
2.6.1	Estimasi Parameter GWNBR.....	18
2.6.2	Pengujian Hipotesis Model GWNBR.....	25
2.7	Pemilihan Model Terbaik.....	27
2.8	<i>Flexibly Shaped Spatial Scan Statistic</i>	28
2.8.1	<i>Likelihood Ratio Test</i> dan Pengujian Hipotesis <i>Monte Carlo</i>	30
2.9	Demam Berdarah <i>Dengue</i> (DBD)	32
2.10	Penelitian Sebelumnya	33

BAB III METODOLOGI PENELITIAN

3.1	Sumber Data	35
3.2	Variabel Penelitian	36
3.3	Langkah Analisis Data	38
3.4	Diagram Alir Penelitian	40

BAB IV ANALISIS DAN PEMBAHASAN

4.1	Karakteristik Jumlah Kasus Demam Berdarah <i>Dengue</i> dan Faktor-faktor yang diduga Mempengaruhi.....	44
4.1.1	Jumlah Kasus Demam Berdarah <i>Dengue</i>	46
4.1.2	Kepadatan Penduduk	47
4.1.3	Persentase Rumah/Bangunan Bebas Jentik Nyamuk <i>Aedes</i>	48
4.1.4	Persentase Rumah Tangga ber-PHBS.....	50
4.1.5	Persentase Rumah Sehat	51
4.1.6	Persentase Sarana Pendidikan yang Dibina Lingkungan Kesehatannya Rumah Sehat.....	52
4.1.7	Rasio Dokter Umum	48
4.1.8	Persentase Rumah Tangga yang Memiliki Tempat Sampah Sehat.....	49
4.2	Pemodelan Jumlah Kasus DBD di Surabaya Tahun 2013	53

4.2.1 Deteksi Kasus Multikolinieritas	54
4.2.2 Pemodelan Regresi Poisson dan.....	55
4.2.3 Pemeriksaan Overdispersi	56
4.2.4 Pemodelan Regresi Binomial Negatif.....	57
4.2.5 Pengujian Aspek Spasial	59
4.2.6 Pemodelan Jumlah Kasus DBD di Jawa Timur Tahun 2013 dengan Metode GWNBR.....	60
4.3 Pemilihan Model Terbaik.....	66
4.4 Pendeteksian Kantong DBD di Jawa Timur Menggunakan <i>Flexibly Shaped Spatial Scan Statistic</i>	66

BAB V KESIMPULAN DAN SARAN

5.1 Kesimpulan.....	71
5.2 Saran.....	72

DAFTAR PUSTAKA

LAMPIRAN

(Halaman ini sengaja dikosongkan)

DAFTAR GAMBAR

	Halaman
Gambar 3.1 Peta Kota Surabaya.....	35
Gambar 3.2 Diagram Alir Penelitian	40
Gambar 4.1 Persebaran Jumlah Kasus DBD di Jawa Timur (Y)	46
Gambar 4.2 Persebaran Kepadatan Penduduk di Jawa Timur (X_1)	48
Gambar 4.3 Persebaran Persentase Rumah/Bangunan Bebas Jentik Aedes di Jawa Timur (X_2).....	49
Gambar 4.4 Persebaran Persentase Rumah Tangga ber- PHBS di Jawa Timur (X_3)	50
Gambar 4.5 Persebaran Persentase Rumah Sehat di Jawa Timur (X_4)	51
Gambar 4.6 Persebaran Persentase Sarana Pendidikan dibina Lingkungan Kesehatannya di Jawa Timur (X_5)	53
Gambar 4.7 Pengelompokkan Kabupaten/Kota di Jawa Timur berdasarkan Variabel yang Signifikan.....	64
Gambar 4.8 Hasil Pendeteksian 3 Kantong Paling Beresiko DBD di Jawa Timur.....	68

(halaman ini sengaja dikosongkan)

DAFTAR TABEL

	Halaman
Tabel 3.1 Variabel Penelitian.....	36
Tabel 3.2 Struktur Data Penelitian	37
Tabel 4.1 Karakteristik Data dari Setiap Variabel Penelitian	51
Tabel 4.2 Koefisien Korelasi antar Variabel Prediktor.....	54
Tabel 4.3 VIF dari Variabel Prediktor	54
Tabel 4.4 Penaksiran Parameter Model Regresi Poisson.....	55
Tabel 4.5 Nilai Initial θ	57
Tabel 4.6 Estimasi Parameter Model regresi Binomial Negatif	58
Tabel 4.7 Pengelompokkan Kabupaten Berdasarkan Variabel Yang Signifikan dalam Model GWNBR .	62
Tabel 4.8 Pengujian Parameter Model GWNBR di Kab. Madiun	64
Tabel 4.9 Pemilihan Model Terbaik dengan AIC	66
Tabel 4.10 Hasil Deteksi Kantong DBD di Jawa Timur.....	67

(halaman ini sengaja dikosongkan)

DAFTAR LAMPIRAN

	Halaman
Lampiran 1 Unit Penelitian.....	77
Lampiran 1 Data Jumlah Kasus DBD Tahun 2013 dan Variabel yang Diduga Mempengaruhinya	78
Lampiran 3 Nilai VIF untuk X_1	79
Lampiran 4 Nilai VIF untuk X_2	80
Lampiran 5 Nilai VIF untuk X_3	80
Lampiran 6 Nilai VIF untuk X_4	81
Lampiran 7 Nilai VIF untuk X_5	81
Lampiran 8 Hasil Pemodelan Regresi Poisson	82
Lampiran 9 Hasil Pemodelan Regresi Binomial Negatif.....	83
Lampiran 10 Matriks Pembobot Tersatandarisasi (<i>Standardize Contiguity Matrix</i>).....	85
Lampiran 11 Hasil Uji Heterogenitas Spasial.....	86
Lampiran 12 Hasil Uji Dependensi Spasial.....	86
Lampiran 13 Nilai <i>Bandwidth</i> dan <i>Cross Validation</i>	87
Lampiran 14 Jarak <i>Euclid</i> antar Kabupaten/Kota di Jawa Timur.....	88
Lampiran 15 Matriks Pembobot Spasial dengan Fungsi Kernel <i>Fix Gaussian</i>	89
Lampiran 16 Estimasi Parameter Model GWNBR.....	90
Lampiran 17 Nilai Z Hitung Parameter Model GWNBR.....	92
Lampiran 18 <i>Output Flexscan</i> Hasil Deteksi Kantong DBD dengan Jumlah Replikasi 99.....	94
Lampiran 19 <i>Output Flexscan</i> Hasil Deteksi Kantong DBD dengan Jumlah Replikasi 999.....	98
Lampiran 20 <i>Output Flexscan</i> Hasil Deteksi Kantong DBD dengan Jumlah Replikasi 9999.....	102
Lampiran 21 <i>Syntax</i> R yang digunakan	106

(halaman ini sengaja dikosongkan)

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Penyakit Demam Berdarah *Dengue* (DBD) atau *Dengue Haemorrhagic Fever* (DHF) merupakan salah satu penyakit yang sampai saat ini masih menjadi masalah kesehatan masyarakat karena perjalanan penyakitnya cepat dan dapat menyebabkan kematian dalam waktu singkat. Menurut *World Health Organization* (WHO) (2009) *dengue* merupakan masalah kesehatan masyarakat yang besar di Indonesia. Indonesia yang berada di wilayah tropis pada daerah ekuator memungkinkan perkembangbiakan *Aedes aegypti* yang merupakan vektor dari virus *dengue*. Beberapa laporan menyebutkan *Case Fatality Rate* (CFR) atau angka kematian dari kasus DBD di Indonesia mencapai 1 persen (Karyanti & Hadinegoro, 2009).

Pada beberapa tahun terakhir, Kejadian Luar Biasa DBD terus meningkat terutama di pulau Jawa. Menurut Dinas Kesehatan Provinsi Jawa Timur (2014), Jawa Timur adalah provinsi dengan jumlah Kejadian Luar Biasa DBD paling banyak di Indonesia. Kejadian Luar Biasa (KLB) ini terjadi di 16 kabupaten/kota dengan angka kematian masih berada di atas target CFR DBD nasional yakni sebesar 1,04 persen. Ini menunjukkan bahwa perlu peningkatan diagnosa dini dan pengendalian faktor-faktor yang mempengaruhi jumlah kasus DBD di Jawa Timur. Agar pencegahan dan pengendalian penyakit DBD lebih tepat sasaran maka diperlukan informasi mengenai wilayah yang memiliki resiko tinggi untuk terkena DBD. Wilayah dengan resiko lebih tinggi tersebut selanjutnya disebut dengan wilayah kantong penyakit DBD.

Informasi mengenai wilayah kantong DBD dapat diperoleh dengan metode *Scan Statistic*. Wilayah kantong yang terbentuk dimungkinkan tidak memiliki bentuk khusus tertentu sehingga metode yang tepat digunakan adalah *Flexibly Shaped Spatial Scan Statistics*. Metode ini memungkinkan wilayah kantong yang

terbentuk lebih fleksibel. Pada metode ini dibutuhkan nilai ramalan jumlah kasus DBD di setiap wilayah berdasarkan faktor-faktor yang mempengaruhi. Untuk mengetahui faktor-faktor yang mempengaruhi jumlah kasus DBD dapat digunakan metode analisis regresi.

Jumlah kasus DBD merupakan data *count* yang mengikuti distribusi diskrit sehingga untuk mengetahui faktor-faktor yang berpengaruh terhadap kasus DBD digunakan analisis regresi Poisson. Dalam analisis regresi Poisson, asumsi *mean* sama dengan *variance* jarang terpenuhi karena sering kali muncul fenomena overdispersi dalam pemodelan tersebut. Jika terjadi overdispersi, regresi Poisson tidak sesuai untuk memodelkan data dan model yang akan terbentuk menghasilkan estimasi parameter yang bias. Salah satu metode yang digunakan untuk mengatasi overdispersi dalam regresi Poisson adalah regresi Binomial Negatif.

Karakteristik yang beragam pada tiap wilayah menjadikan suatu permasalahan harus diselesaikan dengan metode spasial. Setiap wilayah pasti memiliki kondisi geografis yang berbeda sehingga menyebabkan adanya perbedaan jumlah kasus DBD antara wilayah satu dengan wilayah lain sesuai dengan karakteristik wilayah tersebut dikaitkan dengan kondisi lingkungan, perilaku dan pengetahuan masyarakat. Metode spasial mampu mengakomodasi pengaruh keragaman di setiap lokasi tersebut. Hal ini telah dibuktikan oleh Putri (2014) yang menunjukkan bahwa terdapat hubungan yang erat antar kabupaten/kota penelitian yang terjangkit DBD di Jawa Timur. Pratama (2015) juga telah menjelaskan adanya keragaman faktor penyebab TBC di masing-masing kabupaten/kota di Jawa Barat. Dengan memperhatikan aspek spasial (wilayah) maka digunakan metode *Geographically Weighted Negative Binomial Regression* untuk mengetahui faktor-faktor yang mempengaruhi jumlah kasus DBD di setiap kabupaten/kota Jawa Timur.

Penelitian mengenai variabel yang mempengaruhi jumlah kasus DBD telah dilakukan oleh beberapa peneliti, diantaranya

Hidayanti (2015) yang menunjukkan bahwa faktor-faktor yang mempengaruhi terjadinya kasus DBD di Kota Surabaya antara lain adalah persentase rumah/bangunan bebas jentik nyamuk *Aedes*, persentase rumah tangga berperilaku hidup bersih dan sehat (PHBS), dan persentase rumah sehat. Menurut Sigarlaki (2012) faktor pengetahuan merupakan salah satu faktor yang mempengaruhi jumlah kasus demam berdarah di desa Pancur, Taktakan, Serang, Banten.

Penelitian ini dilakukan dengan tujuan untuk pemodelan dan pemetaan penyebaran jumlah kasus DBD di Jawa Timur dengan mempertimbangkan keragaman faktor penyebab DBD antar kabupaten/kota menggunakan metode *Geographically Weighted Negative Binomial Regression* (GWNBR) dan pendeteksian kantong jumlah kasus DBD dengan metode *Flexibly Shaped Spatial Scan Statistic*. Diharapkan dengan adanya penelitian ini, upaya pencegahan dan penanggulangan kasus DBD dapat berlangsung dengan lebih efektif dan tepat sasaran.

1.2 Rumusan Masalah

Rumusan permasalahan dalam penelitian ini adalah sebagai berikut.

1. Bagaimana karakteristik dan pemetaan jumlah kasus DBD di Provinsi Jawa Timur dan faktor-faktor yang diduga mempengaruhinya pada tahun 2013?
2. Apa saja faktor yang mempengaruhi jumlah kasus DBD berdasarkan kabupaten/kota di Jawa Timur tahun 2013?
3. Bagaimana pemetaan kantong jumlah kasus DBD berdasarkan kabupaten/kota di Jawa Timur tahun 2013?

1.3 Tujuan Penelitian

Tujuan utama yang hendak dicapai dari penelitian ini adalah sebagai berikut.

1. Mengetahui karakteristik dan melakukan pemetaan jumlah kasus DBD di Provinsi Jawa Timur dan faktor-faktor yang diduga mempengaruhinya pada tahun 2013.

2. Mengetahui faktor-faktor yang mempengaruhi jumlah kasus DBD berdasarkan Kabupaten/kota di Jawa Timur tahun 2013.
3. Melakukan pemetaan kantong jumlah kasus DBD berdasarkan kabupaten/kota di Jawa Timur tahun 2013.

1.4 Manfaat Penelitian

Penelitian ini diharapkan dapat memberikan manfaat berupa:

1. Membantu memberikan analisis dalam menentukan variabel dan metode yang digunakan dalam penelitian kejadian DBD di Jawa Timur.
2. Mengembangkan wawasan keilmuan yang berkaitan dengan penggunaan metode *Geographically Weighted Negatif Binomial Regression* dan *Flexibly Shaped Scan Statistic* dalam aplikasinya di bidang kesehatan khususnya DBD di Jawa Timur.
3. Membantu Dinas Kesehatan Provinsi Jawa Timur dalam melakukan pencegahan secara dini terhadap peningkatan jumlah kasus DBD berdasarkan faktor penyebab DBD yang beragam antar Kabupaten/kota melalui peta visual wilayah kantong penyakit DBD.

1.5 Batasan Masalah

Penelitian ini menggunakan data jumlah kasus demam berdarah *Dengue* di Provinsi Jawa Timur tahun 2013. Penelitian ini menggunakan pembobot fungsi kernel *Fixed Gaussian* dan pembentukan kantong DBD dengan metode *Flexibly Shaped Spatial Scan Statistic*.

BAB II TINJAUAN PUSTAKA

2.1 Statistika Deskriptif

Statistika deskriptif adalah metode-metode yang berkaitan dengan pengumpulan dan penyajian suatu himpunan data, sehingga memberikan informasi yang berguna (Walpole, 1995). Statistik deskriptif membahas cara-cara pengumpulan data, penyederhanaan angka-angka pengamatan yang diperoleh (meringkas dan menyajikan), serta melakukan pengukuran pemusatan dan penyebaran untuk memperoleh informasi yang lebih menarik, berguna dan lebih mudah dipahami. Contoh statistika deskriptif adalah rata-rata, koefisien varians, nilai minimum, nilai maksimum dan peta tematik.

Salah satu bentuk penyajian statistika deskriptif adalah menggunakan peta tematik. Peta tematik merupakan peta yang memberikan suatu informasi mengenai tema tertentu, baik data kualitatif maupun data kuantitatif. Pembagian kelompok sebanyak n wilayah menjadi h kelompok sesuai tema menggunakan metode *natural breaks*. Metode *natural breaks* menghasilkan variasi minimum untuk wilayah yang berada pada satu kelompok tema. Berikut adalah algoritma dari metode *natural breaks* (EHDP, 2014).

1. Bagi daerah menjadi sebanyak h kelompok dari n wilayah. Banyak wilayah anggota setiap kelompok minimal 1 dan maksimal adalah $n-(q-1)$.
2. Hitung rata-rata data setiap kelompok. Hasil rata-rata dilambangkan dengan \bar{x}_q , $q = 1, \dots, h$
3. Hitung jumlahan standar deviasi kuadrat dari setiap kelompok kombinasi wilayah.
4. Pembagian kelompok dengan jumlahan standar deviasi kuadrat terkecil adalah pembagian wilayah yang optimum.

2.2 Multikolinieritas

Salah satu syarat yang harus dipenuhi dalam pembentukan model regresi dengan beberapa variabel adalah tidak ada kasus multikolinieritas. Multikolinieritas adalah kondisi terdapatnya hubungan linier atau korelasi yang tinggi antara satu variabel prediktor dengan variabel prediktor yang lain. Dalam model regresi, adanya korelasi antar variabel prediktor menyebabkan estimasi parameter regresi yang dihasilkan akan memiliki error yang sangat besar. Pendeteksian kasus multikolinieritas menurut Hocking (1996) dapat dilihat melalui beberapa cara yaitu sebagai berikut:

1. Jika koefisien korelasi Pearson (r_{ij}) antar variabel prediktor lebih dari 0,95 maka terdapat korelasi antar variabel tersebut.
2. Nilai VIF (*Varian Inflation Factor*) lebih besar dari 10 menunjukkan adanya multikolinieritas antar variabel prediktor. Nilai VIF dinyatakan sebagai berikut:

$$VIF_j = \frac{1}{1-R_j^2} \quad (2.1)$$

dengan R_j^2 adalah koefisien determinasi antara x_j dengan variabel prediktor lainnya. R_j^2 dapat dinyatakan sebagai berikut.

$$R_j^2 = 1 - \frac{SSE}{(n-1)s_j^2} \quad (2.2)$$

dimana $SSE = \sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2$ dan $s_j^2 = \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2}{n-1}$

Solusi untuk mengatasi adanya kasus multikolinieritas yaitu dengan mengeluarkan variabel prediktor yang tidak signifikan dalam model atau dengan cara mengelompokkan variabel yang saling berkorelasi cukup tinggi dalam sebuah komponen yang membentuk variabel baru yaitu menggunakan *Principal Component Analysis* (PCA), sehingga mereduksi banyaknya dimensi regresi dan antar variabel baru tersebut tidak saling berkorelasi cukup tinggi.

2.3 Regresi Poisson

Distribusi poisson merupakan bentuk distribusi untuk peristiwa yang probabilitas kejadiannya sangat kecil dan bergantung pada interval waktu tertentu dengan hasil pengamatan berupa variabel diskrit. Distribusi Poisson dapat ditulis dalam bentuk umum $Y \sim \text{Poisson}(\mu)$ yang berarti bahwa Y merupakan variabel random berdistribusi Poisson dengan parameter μ dimana fungsi distribusinya adalah sebagai berikut (Myers, 1990) :

$$f(y; \mu) = \frac{e^{-\mu} \mu^y}{y!}, y = 0, 1, 2, \dots \quad (2.3)$$

dengan μ merupakan rata-rata variabel random y di mana nilai rata-rata dan varians dari y mempunyai nilai lebih dari nol.

Dalam analisis regresi, hubungan antara respons dengan variabel-variabel prediktornya dinyatakan dalam suatu model yang disebut sebagai model regresi. Model tersebut menghubungkan variabel prediktor dan respons melalui parameter yang dinamakan sebagai parameter regresi dan dinotasikan dengan β . Menurut Myers (1990) salah satu model regresi yang dapat menggambarkan hubungan antara respons Y yang berupa data diskrit dengan variabel prediktor X adalah regresi Poisson.

Regresi Poisson merupakan GLM (*Generalized Linear Model*) karena terdapat 3 komponen GLM dalam regresi poisson yaitu komponen random, komponen sistematik, dan *link function* (Agresti, 2002). Komponen random merupakan variabel respon yaitu variabel y yang merupakan vektor yang terdiri dari $[y_1, y_2, \dots, y_n]^T$. Komponen sistematik yaitu vektor η yang terdiri dari $[\eta_1, \eta_2, \dots, \eta_n]^T$ menghubungkan dengan variabel X , sehingga bentuk umum dari $\eta = X\beta$ di mana X merupakan suatu matriks dengan elemen yang terdiri variabel

prediktor dan dinyatakan dengan $X = \begin{bmatrix} 1 & x_{1,1} & \dots & x_{p,1} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 1 & x_{1,n} & \dots & x_{p,n} \end{bmatrix}$, sedang-

kan β merupakan bentuk vektor dari parameter-parameter model dan dinyatakan dengan $\beta^T = [\beta_1, \beta_2, \dots, \beta_p]$. Masing-

masing dari elemen $\mathbf{\eta}$ dapat dinyatakan dengan $\eta_i = \sum_{j=0}^p \beta_j x_{ij}$ merupakan kombinasi linier dari variabel prediktor.

Komponen yang ketiga yaitu *link function* yang menghubungkan antara komponen random dan komponen sistematik. Dimisalkan $\mu_i = E(Y_i)$ di mana $i=1,2,\dots,n$. Model untuk menghubungkan μ_i dengan η_i oleh $g(\mu_i) = \eta_i$, di mana $g(\cdot)$ adalah *link function*. Sehingga $g(\cdot)$ menghubungkan $E(Y_i)$ dengan variabel prediktor, dan diformulasikan sebagai berikut:

$$g(\mu_i) = \sum_{j=0}^p \beta_j x_{ij} = \beta_0 + \beta_1 x_{i1} + \dots + \beta_p x_{ip} \quad (2.4)$$

dengan demikian regresi poisson dapat dinyatakan sebagai berikut:

$$\ln(\mu_i) = \beta_0 + \sum_{j=1}^p \beta_j x_{ij} \quad i = 1, 2, \dots, n$$

dimana:

$$\mu_i = \mu_i(\mathbf{x}_i) = \exp\left(\beta_0 + \sum_{j=1}^p \beta_j x_{ij}\right) \quad (2.5)$$

2.3.1 Estimasi Parameter Model Regresi Poisson

Estimasi parameter model regresi poisson menggunakan metode *Maximum Likelihood Estimation* (MLE) dengan cara memaksimalkan fungsi *likelihood*. Fungsi Likelihood dari regresi poisson adalah:

$$\begin{aligned} \ln L(\boldsymbol{\beta}) &= \ln \left(\prod_{i=1}^n \frac{\exp(-\mu_i) \mu_i^{y_i}}{y_i!} \right) \\ &= \sum_{i=1}^n \ln \left(\frac{\exp(-\mu_i) \mu_i^{y_i}}{y_i!} \right) \\ &= \sum_{i=1}^n (\ln(e^{-\mu_i}) + \ln(\mu_i^{y_i}) - \ln(y_i!)) \\ &= \sum_{i=1}^n (-\mu_i + y_i \ln(\mu_i) - \ln(y_i!)) \\ &= \sum_{i=1}^n \left(-e^{\mathbf{X}_i^T \boldsymbol{\beta}} + y_i \ln e^{\mathbf{X}_i^T \boldsymbol{\beta}} - \ln(y_i!) \right) \\ &= -\sum_{i=1}^n e^{\mathbf{X}_i^T \boldsymbol{\beta}} + \sum_{i=1}^n y_i \mathbf{X}_i^T \boldsymbol{\beta} - \sum_{i=1}^n \ln(y_i!) \quad (2.6) \end{aligned}$$

Estimasi parameter β_j dinyatakan dengan $\hat{\beta}_j$ yang merupakan penyelesaian dari turunan pertama fungsi logaritma natural dari likelihood. Selanjutnya persamaan (2.6) diturunkan terhadap $\boldsymbol{\beta}^T$ dan disamakan dengan nol.

$$\frac{\partial \ln L(\boldsymbol{\beta})}{\partial \boldsymbol{\beta}^T} = -\sum_{i=1}^n x_j \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}) + \sum_{i=1}^n y_i x_j \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}) \quad (2.7)$$

Syarat agar diperoleh nilai $\hat{\boldsymbol{\beta}}_j$ dengan MLE adalah bahwa harus terbentuk matrik hessian definit negatif. Sehingga fungsi log-likelihood perlu diturunkan parsial kedua terhadap $\boldsymbol{\beta}$ yakni.

$$\frac{\partial^2 \ln L(\boldsymbol{\beta})}{\partial \boldsymbol{\beta}^T \partial \boldsymbol{\beta}} = -\sum_{i=1}^n x_j x_j \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}) + \sum_{i=1}^n y_i x_j x_j \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta})$$

Berikut ini merupakan langkah-langkah metode numerik Newton Raphson dalam estimasi parameter model regresi poisson (Cameron & Trivedi, 1998):

1. Menentukan nilai estimasi awal parameter $\boldsymbol{\beta}$, misal $\hat{\boldsymbol{\beta}}_{(0)}$,

$$\hat{\boldsymbol{\beta}}_{(0)} = (\mathbf{X}^T \mathbf{X})^{-1} \mathbf{X}^T \mathbf{Y}$$

2. Membentuk vektor gradien \mathbf{g} ,

$$\mathbf{g}_{(p+1) \times 1}^T = \left[\frac{\partial \ln L(\boldsymbol{\beta})}{\partial \beta_0}, \frac{\partial \ln L(\boldsymbol{\beta})}{\partial \beta_1}, \dots, \frac{\partial \ln L(\boldsymbol{\beta})}{\partial \beta_p} \right]_{\boldsymbol{\beta}=\hat{\boldsymbol{\beta}}_{(m)}}$$

p adalah jumlah parameter yang diestimasi

3. Membentuk matriks Hessian \mathbf{H} :

$$\mathbf{H}(\boldsymbol{\beta}_{(m)})_{(p+1)(p+1)} = \begin{bmatrix} \frac{\partial^2 \ln L(\boldsymbol{\beta})}{\partial \beta_0^2} & \frac{\partial^2 \ln L(\boldsymbol{\beta})}{\partial \beta_0 \partial \beta_1} & \dots & \frac{\partial^2 \ln L(\boldsymbol{\beta})}{\partial \beta_0 \partial \beta_p} \\ & \frac{\partial^2 \ln L(\boldsymbol{\beta})}{\partial \beta_1^2} & \dots & \frac{\partial^2 \ln L(\boldsymbol{\beta})}{\partial \beta_1 \partial \beta_p} \\ & & \ddots & \vdots \\ \text{simetris} & & & \frac{\partial^2 \ln L(\boldsymbol{\beta})}{\partial \beta_p^2} \end{bmatrix}_{\boldsymbol{\beta}=\hat{\boldsymbol{\beta}}_{(m)}}$$

4. Mulai dari $m = 0$ dilakukan iterasi pada persamaan :

$$\hat{\boldsymbol{\beta}}_{(m+1)} = \hat{\boldsymbol{\beta}}_{(m)} - \mathbf{H}_{(m)}^{-1} \mathbf{g}_{(m)}$$

Nilai $\hat{\boldsymbol{\beta}}_{(m)}$ merupakan sekumpulan penaksir parameter yang konvergen pada iterasi ke- m .

5. Jika belum didapatkan penaksir parameter yang konvergen, maka dilanjutkan kembali langkah 5 hingga iterasi ke $m = m + 1$. Iterasi berhenti pada keadaan konvergen yaitu pada saat $\|\hat{\boldsymbol{\beta}}_{(m+1)} - \hat{\boldsymbol{\beta}}_{(m)}\| \leq \varepsilon$, dimana ε merupakan bilangan yang sangat kecil sekali.

2.3.2 Pengujian Parameter Model Regresi Poisson

Pengujian parameter model regresi poisson bertujuan untuk menguji apakah parameter model memiliki pengaruh yang signifikan terhadap variabel respon (y) dengan hipotesis sebagai berikut:

$$H_0 : \beta_1 = \beta_2 = \dots = \beta_p = 0$$

$$H_1 : \text{paling sedikit ada satu } \beta_j \neq 0, \quad j = 1, 2, \dots, p$$

dengan statistik uji sebagai berikut:

$$D(\hat{\beta}) = -2 \ln \Delta = -2 \ln \left(\frac{L(\hat{\omega})}{L(\hat{\Omega})} \right) \quad (2.8)$$

dimana $D(\hat{\beta})$ adalah nilai devians model regresi poisson dan $L(\hat{\omega})$ merupakan suatu fungsi *likelihood* untuk model sederhana tanpa melibatkan variabel prediktor, sedangkan $L(\hat{\Omega})$ merupakan suatu fungsi *likelihood* untuk model yang lengkap yang melibatkan variabel prediktor. Keputusan adalah Tolak H_0 jika nilai $D(\hat{\beta}) > \chi^2_{(\alpha; p)}$, yang berarti minimal ada satu parameter yang berpengaruh secara signifikan terhadap variabel respon (y) pada model regresi poisson.

Setelah diperoleh keputusan tolak H_0 pada pengujian parameter secara serentak yang berarti bahwa minimal ada satu β_j yang berpengaruh signifikan, maka selanjutnya dilakukan pengujian parameter secara parsial untuk melihat parameter mana yang berpengaruh signifikan terhadap variabel respon (y) pada model regresi poisson dengan hipotesis sebagai berikut.

$$H_0 : \beta_j = 0$$

$$H_1 : \beta_j \neq 0, \quad j=1, 2, \dots, p$$

Statistik uji yang digunakan mengikuti distribusi normal standar yaitu,

$$Z_{hitung} = \frac{\hat{\beta}_j}{se(\hat{\beta}_j)} \quad (2.9)$$

$(se(\hat{\beta}_j))^2$ adalah standar error, didapatkan dari elemen diagonal ke-(j+1) dari $var(\hat{\beta})$ dengan $var(\hat{\beta}) = -E(\mathbf{H}^{-1}(\hat{\beta}))$. H_0 akan

ditolak jika nilai dari $|z_{hitung}| > z_{\alpha/2}$ yang berarti bahwa variabel j memberikan pengaruh yang signifikan pada variabel respon.

2.3.3 Overdispersi

Regresi Poisson dikatakan overdispersi apabila nilai variansnya lebih besar dari nilai rata-ratanya. Jika pada data diskrit terjadi overdispersi dan tetap menggunakan regresi Poisson sebagai metode penyelesaiannya, maka akan diperoleh suatu kesimpulan yang tidak valid karena nilai *standart error* menjadi *under estimate*. Hal ini disebabkan karena parameter koefisien regresi yang dihasilkan dari regresi Poisson tidak efisien meskipun koefisien regresinya tetap konsisten. Overdispersi (McCullagh & Nelder, 1989) dapat dituliskan sebagai berikut:

$$Var(Y) > E(Y) \quad (2.10)$$

Overdispersi dapat dideteksi dengan nilai dispersi *pearson Chi-square* atau *deviance* yang dibagi dengan derajat bebasnya, diperoleh nilai lebih besar dari 1. Misalkan θ merupakan parameter dispersi, maka jika $\theta > 1$ artinya terjadi overdispersi pada regresi Poisson, jika $\theta < 1$ artinya terjadi underdispersi dan jika $\theta = 1$ berarti tidak terjadi kasus over/under dispersi yang disebut dengan equidispersi (Famoye, Wulu, & Singh, 2004).

2.4 Regresi Binomial Negatif

Model regresi Binomial Negatif dapat digunakan untuk memodelkan data diskrit yang mengalami overdispersi karena distribusi Binomial Negatif merupakan perluasan dari distribusi Poisson-Gamma yang memuat parameter dispersi θ (Hilbe, 2011). Untuk membentuk suatu model regresi pada distribusi *mixture* Poisson-Gamma dinyatakan dalam bentuk $\mu = \alpha\beta$ dan $\theta = \frac{1}{\alpha}$ sehingga diperoleh mean dan varians dalam bentuk:

$E(Y) = \mu$ dan $V[Y] = \mu + \theta\mu^2 = \mu(1 + \theta\mu)$
dengan fungsi distribusi binomial negatif:

$$f(y, \mu, \theta) = \frac{\Gamma(y+1/\theta)}{\Gamma(1/\theta)y!} \left(\frac{1}{1+\theta\mu}\right)^{1/\theta} \left(\frac{\theta\mu}{1+\theta\mu}\right)^y \quad (2.11)$$

Saat $\theta = 0$ maka distribusi binomial negatif memiliki varians $V[Y] = \mu$. Distribusi binomial negatif akan mendekati suatu distribusi poisson yang mengasumsikan mean dan varians sama yaitu $E[Y] = V[Y] = \mu$. Keluarga eksponensial dari distribusi binomial negatif (Greene, 2008) adalah:

$$f(y, \mu, \theta) = \exp \left\{ y \ln \left(\frac{\theta\mu}{1+\theta\mu} \right) + \frac{1}{\theta} \ln \left(\frac{1}{1+\theta\mu} \right) + \ln \left(\frac{\Gamma(y+1/\theta)}{\Gamma(1/\theta)y!} \right) \right\} \quad (2.12)$$

Kontribusi variabel prediktor dalam model regresi binomial negatif dinyatakan dalam bentuk kombinasi linier antara parameter (μ) dengan parameter regresi yang akan diestimasi yaitu:

$$\mu_i = \exp(\beta_0 + \sum_{j=1}^p \beta_j x_{ij}) \quad (2.13)$$

Atau dalam matriks dituliskan dalam bentuk

$$\ln \boldsymbol{\mu} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} \quad (2.14)$$

dengan $\boldsymbol{\mu}$ adalah vektor (nx1) dari observasi, \mathbf{X} adalah matriks (n x c) dari variabel prediktor, $\boldsymbol{\beta}$ adalah matriks (c x 1) dari koefisien regresi dengan $c = p+1$.

2.4.1 Estimasi Parameter Model Regresi Binomial Negatif

Estimasi parameter model regresi binomial negatif dilakukan dengan menggunakan metode *maximum likelihood estimation* (MLE) yaitu dengan cara memaksimumkan fungsi *likelihood* (Hilbe, 2011). Fungsi *likelihood* dari regresi binomial negatif yaitu.

$$L(\boldsymbol{\beta}, \theta) = \prod_{i=1}^n \frac{\Gamma(y_i+1/\theta)}{\Gamma(1/\theta)\Gamma(y_i+1)} \left(\frac{1}{1+\theta\mu_i}\right)^{1/\theta} \left(\frac{\theta\mu_i}{1+\theta\mu_i}\right)^{y_i}$$

$$\text{dengan } \frac{\Gamma(y_i+1/\theta)}{\Gamma(1/\theta)} = \prod_{r=1}^{y_i-1} (r + \theta^{-1})$$

$$L(\boldsymbol{\beta}, \theta) = \prod_{i=1}^n (\prod_{r=1}^{y_i-1} (r + \theta^{-1})) \frac{1}{(y_i!)} \left(\frac{1}{1+\theta\mu_i}\right)^{1/\theta} \left(\frac{\theta\mu_i}{1+\theta\mu_i}\right)^{y_i}$$

$$\ln\{L(\boldsymbol{\beta}, \theta)\} = \sum_{i=1}^n \left[\left(\sum_{r=1}^{y_i-1} \ln(r + \theta^{-1}) \right) - \ln(y_i!) + y_i \ln(\theta \mu_i) - (\theta^{-1} + y_i) \ln(1 + \theta \mu_i) \right] \quad (2.15)$$

Turunan pertama dari fungsi *log-likelihood* terhadap koefisien $\boldsymbol{\beta}$ adalah:

$$\frac{\partial \ln\{L(\boldsymbol{\beta}, \theta)\}}{\partial \beta_0} = \sum_{i=1}^n \left[y_i - (y_i + \theta^{-1}) \left(\frac{\theta \mu_i}{1 + \theta \mu_i} \right) \right] = \sum_{i=1}^n \left[\frac{y_i - \mu_i}{1 + \theta \mu_i} \right] = 0$$

\vdots

$$\begin{aligned} \frac{\partial \ln\{L(\boldsymbol{\beta}, \theta)\}}{\partial \beta_p} &= \sum_{i=1}^n \left[y_i x_{ip} - (y_i + \theta^{-1}) \left(\frac{\theta \mu_i x_{ip}}{1 + \theta \mu_i} \right) \right] \\ &= \sum_{i=1}^n \left[\frac{(y_i - \mu_i) x_{ip}}{1 + \theta \mu_i} \right] \\ &= \sum_{i=1}^n \left[\frac{\mu_i}{1 + \theta \mu_i} \frac{(y_i - \mu_i) x_{ip}}{\mu_i} \right] \\ &= \sum_{i=1}^n \left[x_{ip} \frac{\mu_i}{1 + \theta \mu_i} \frac{(y_i - \mu_i)}{\mu_i} \right] \\ &= \sum_{i=1}^n [x_{ip} w_i z_i] \end{aligned}$$

Bentuk persamaan matriks dari turunan pertama fungsi *log-likelihood* terhadap parameter $\boldsymbol{\beta}$ yaitu: $\mathbf{q} = \mathbf{X}^T \mathbf{W} \mathbf{z}$, dengan \mathbf{X} adalah matriks ($n \times c$) dari variabel prediktor, \mathbf{W} adalah matriks *weight* diagonal ke- i yang berukuran $n \times n$ dan \mathbf{z} adalah vektor matriks dengan baris ke- i , dengan masing masing elemennya adalah:

$$w_i = \frac{\mu_i}{1 + \theta \mu_i} \quad \text{dan} \quad z_i = \frac{(y_i - \mu_i)}{\mu_i} \quad i = 1, 2, \dots, n$$

Turunan pertama dari fungsi *log-likelihood* terhadap parameter dispersi θ adalah:

$$g'(\theta) = \frac{\partial \ln\{L(\boldsymbol{\beta}, \theta)\}}{\partial \theta} = \sum_{i=1}^n \left[-\theta^{-2} \sum_{r=0}^{y_i-1} \frac{1}{r + \theta^{-1}} + \frac{y_i}{\theta} + \right.$$

$$\left. \theta^{-2} \ln(1 + \theta \mu_i) - \frac{(\theta^{-1} + y_i) \mu_i}{1 + \theta \mu_i} \right] = 0$$

$$g'(\theta) = \frac{\partial \ln\{L(\boldsymbol{\beta}, \theta)\}}{\partial \theta} = \sum_{i=1}^n \left[-\theta^{-2} \sum_{r=0}^{y_i-1} \frac{1}{r + \theta^{-1}} + \theta^{-2} \ln(1 + \theta \mu_i) + \frac{y_i - \mu_i}{\theta(1 + \theta \mu_i)} \right] = 0$$

Turunan parsial kedua fungsi *log-likelihood* terhadap parameter koefisien regresi $\boldsymbol{\beta}$ adalah:

$$\frac{\partial^2 \ln\{L(\boldsymbol{\beta}, \theta)\}}{\partial \beta_0^2} = - \sum_{i=1}^n \left[\frac{(1 + \theta y_i) \mu_i}{(1 + \theta \mu_i)^2} \right]$$

$$\frac{\partial^2 \ln\{L(\boldsymbol{\beta}, \theta)\}}{\partial \beta_0 \partial \beta_j} = \sum_{i=1}^n \left[\frac{-\mu_i x_{ij}(1+\theta\mu_i) - (y_i - \mu_i)(x_{ij}\theta\mu_i)}{(1+\theta\mu_i)^2} \right]$$

$$\frac{\partial^2 \ln\{L(\boldsymbol{\beta}, \theta)\}}{\partial \beta_0 \partial \beta_j} = \sum_{i=1}^n \left[\frac{(1+\theta y_i) x_{ij} \mu_i}{(1+\theta\mu_i)^2} \right]$$

Misalkan turunan parsial pertama dari $L(\boldsymbol{\beta}, \theta)$ terhadap $\beta_j, j \leq p$ adalah:

$$\frac{\partial \ln\{L(\boldsymbol{\beta}, \theta)\}}{\partial \beta_j} = \sum_{i=1}^n \left[\frac{(y_i - \mu_i) x_{ij}}{1+\theta\mu_i} \right] = 0, \text{ maka turunan parsial kedua}$$

terhadap $\beta_u, u \leq p$ adalah:

$$\frac{\partial^2 \ln\{L(\boldsymbol{\beta}, \theta)\}}{\partial \beta_u \partial \beta_j} = \sum_{i=1}^n \left[\frac{-\mu_i x_{iu} x_{ij}(1+\theta\mu_i) - (y_i - \mu_i)(x_{iu} x_{ij} \theta \mu_i)}{(1+\theta\mu_i)^2} \right]$$

$$\frac{\partial^2 \ln\{L(\boldsymbol{\beta}, \theta)\}}{\partial \beta_u \partial \beta_j} = - \sum_{i=1}^n \left[\frac{(1+\theta y_i) x_{iu} x_{ij} \mu_i}{(1+\theta\mu_i)^2} \right]$$

Ekspektasi dari turunan kedua log-likelihood adalah:

$$E \left(- \frac{\partial^2 \ln\{L(\boldsymbol{\beta}, \theta)\}}{\partial \beta_u \partial \beta_k} \right) = \sum_{i=1}^n \left[\frac{x_{iu} x_{ik} \mu_i}{(1+\theta\mu_i)} \right] \quad (2.16)$$

Jika persamaan (2.16) dinyatakan dalam matriks \mathbf{I} yaitu matriks yang mengandung ekspektasi negatif dari turunan kedua log-likelihood maka:

$$\mathbf{I} = \mathbf{X}^T \mathbf{W} \mathbf{X},$$

dengan \mathbf{X} adalah matriks dari variabel prediktor, \mathbf{W} adalah matriks weight diagonal ke- i dengan elemen : $w_i = \frac{\mu_i}{1+\theta\mu_i}$

Turunan kedua fungsi log-likelihood terhadap parameter dispersi θ adalah:

$$f''(\theta) = \frac{\partial^2 \ln\{L(\boldsymbol{\beta}, \theta)\}}{\partial \theta^2} = \sum_{i=1}^n \left[\theta^{-3} \sum_{r=0}^{y_i-1} \frac{(2r+\theta^{-1})}{(r+\theta^{-1})^2} - 2\theta^{-3} \ln(1+\theta\mu_i) + \frac{-\theta^2 \mu_i}{(1+\theta\mu_i)} - \frac{(y_i - \mu_i)(1+2\theta\mu_i)}{(\theta + \theta^2 \mu_i)^2} \right]$$

Langkah langkah estimasi parameter regresi binomial negatif dilakukan dengan langkah sebagai berikut:

1. Menentukan estimasi awal θ , misal $\hat{\theta}_1 = 0,1$
2. Menentukan estimasi maksimum *likelihood* dari parameter $\boldsymbol{\beta}$ menggunakan prosedur iterasi Fisher scoring dengan asumsi $\theta = \hat{\theta}_1$

$$\hat{\boldsymbol{\beta}}_{i+1} = \hat{\boldsymbol{\beta}}_i + (\mathbf{X}^T \mathbf{W}_i \mathbf{X})^{-1} \mathbf{X}^T \mathbf{W}_i \mathbf{z}_i$$

Iterasi berakhir jika diperoleh $\|\hat{\boldsymbol{\beta}}_{i+1} - \hat{\boldsymbol{\beta}}_i\| \leq \varepsilon$.

3. Menggunakan $\hat{\beta}$ untuk menghasilkan estimasi dari parameter θ dengan menggunakan prosedur iterasi Newton-Raphson satu variabel, iterasi berakhir jika diperoleh $|\hat{\theta}_{i+1} - \hat{\theta}_i| \leq \varepsilon$

$$\hat{\theta}_{i+1} = \hat{\theta}_i - \frac{f'(\theta_i)}{f''(\theta_i)}$$

4. Jika $|\hat{\theta}_{i+1} - \hat{\theta}_i| \leq \varepsilon$ selesai; bila tidak, gunakan parameter $\theta = \hat{\theta}_{i+1}$ dan kembali ke langkah 2, nilai ε merupakan bilangan positif yang sangat kecil.

2.4.2 Pengujian Parameter Regresi Binomial Negatif

Uji kesesuaian model regresi binomial negatif dengan uji devians sebagai berikut:

$$H_0: \beta_1 = \beta_2 = \beta_3 = \dots = \beta_p = 0$$

$$H_1: \text{paling sedikit ada satu } \beta_j \neq 0 \quad j = 1, 2, \dots, p$$

Statistik Uji:

$$D(\hat{\beta}_B) = -2 \ln \Delta = -2 \ln \left(\frac{L(\hat{\omega})}{L(\hat{\Omega})} \right) \quad (2.17)$$

Kriteria Penolakan: Tolak H_0 jika nilai $D(\hat{\beta}_B) > \chi^2_{(\alpha; p)}$, artinya paling sedikit ada satu variabel yang memberikan pengaruh pada model.

Setelah dilakukan uji serentak dan diperoleh keputusan bahwa minimal ada satu variabel yang signifikan mempengaruhi variabel respon maka dilanjutkan dengan pengujian signifikansi parameter secara parsial setiap variabel prediktor dengan hipotesis sebagai berikut:

$$H_0: \beta_j = 0$$

$$H_1: \beta_j \neq 0$$

Statistik uji:

$$Z_{hit} = \frac{\hat{\beta}_j}{se(\hat{\beta}_j)} \quad (2.18)$$

Kriteria Penolakan: Tolak H_0 jika nilai $|Z_{hit}| > Z_{\alpha/2}$, artinya variabel j memberikan pengaruh pada model.

2.5 Pengujian Spasial

Metode spasial dikembangkan berdasarkan hukum geografi pertama yang diungkapkan oleh Tobler, yaitu sesuatu yang berhubungan dengan sesuatu lainnya, dimana terdapat hubungan yang makin erat dengan jarak yang dekat (Anselin, 1998). Pengujian spasial dibagi menjadi dua yaitu pengujian heterogenitas spasial dan pengujian dependensi spasial.

2.5.1 Pengujian Heterogenitas Spasial

Pengujian heterogenitas spasial digunakan untuk melihat karakteristik di suatu lokasi pengamatan. Pengaruh yang terjadi akibat adanya heterogenitas spasial adalah adanya parameter regresi yang berbeda-beda secara spasial. Uji heterogenitas spasial dapat diuji dengan menggunakan statistik uji *Breusch-Pagan* dengan perumusan hipotesis sebagai berikut (Anselin, 1998).

$H_0 : \sigma_1^2 = \sigma_2^2 = \dots = \sigma_n^2 = \sigma^2$ (variansi antar lokasi sama)

$H_1 : \text{paling sedikit ada satu } \sigma_i^2 \neq \sigma^2 \text{ (variansi antar lokasi berbeda) } i=1,2,\dots,n$

Dengan statistik uji *Breusch-Pagan* (BP) sebagai berikut.

$$BP = \left(\frac{1}{2}\right) \mathbf{f}^T \mathbf{Z} (\mathbf{Z}^T \mathbf{Z})^{-1} \mathbf{Z}^T \mathbf{f} \sim \chi_{(p)}^2 \quad (2.19)$$

dimana

$$e_i = y_i - \hat{y}_i$$

$$\mathbf{f} = (f_1, f_2, \dots, f_n)^T \text{ dengan } f_i = \frac{e_i^2}{\hat{\sigma}^2} - 1$$

e_i^2 = kuadrat sisaan untuk pengamatan ke- i

$$\hat{\sigma}^2 = \sum_{i=1}^n \frac{e_i^2}{n}$$

\mathbf{Z} = matriks berukuran $n \times (p+1)$ yang berisi vektor yang sudah di normal bakukan (z) untuk setiap pengamatan

Kriteria Penolakan: Tolak H_0 jika nilai $BP > \chi_{(\alpha;p)}^2$ yang artinya adalah variansi antar lokasi berbeda.

2.5.2 Pengujian Dependensi Spasial

Pengujian dependensi spasial digunakan untuk melihat apakah pengamatan di lokasi yang satu berpengaruh terhadap pengamatan di lokasi lain yang letaknya berdekatan. Statistik uji yang sering digunakan dalam autokorelasi spasial adalah Moran's I. Moran's I adalah ukuran hubungan antara pengamatan yang saling berdekatan (Anselin, 1988). Hipotesis yang digunakan dalam pengujian dependensi spasial adalah sebagai berikut:

$H_0 : I = 0$ (tidak ada dependensi spasial)

$H_1 : I \neq 0$ (terdapat dependensi spasial)

Dengan Statistik uji Moran's I sebagai berikut.

$$Z_{I \text{ hit}} = \frac{\hat{I} - E(\hat{I})}{\sqrt{\text{Var}(\hat{I})}} \quad (2.20)$$

dimana

$$\hat{I} = \frac{n \sum_{i=1}^n \sum_{k=1}^n w_{ik} (y_i - \bar{y})(y_k - \bar{y})}{(\sum_{i=1}^n \sum_{k=1}^n w_{ik}) \sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2}$$

n = banyak pengamatan

\bar{y} = nilai rata-rata dari y_i dari n lokasi

y_i = nilai pengamatan pada lokasi ke- i

y_k = nilai pengamatan pada lokasi ke- k

w_{ik} = elemen matriks pembobot *rook contiguity*

Kriteria Penolakan: Tolak H_0 jika nilai $|Z_{I \text{ hit}}| > Z_{\alpha/2}$ yang

artinya terdapat dependensi spasial.

2.6 Geographically Weighted Negative Binomial Regression (GWNBR)

Model *Geographically Weighted Negative Binomial Regression* (GWNBR) adalah salah satu metode yang cukup efektif menduga data yang memiliki heterogenitas spasial yang memiliki overdispersi. Model GWNBR akan menghasilkan penaksir parameter lokal dengan masing-masing lokasi akan memiliki parameter yang berbeda beda. Model GWNBR dapat dirumuskan sebagai berikut (Ricardo & Carvalho, 2013):

$$y_i \sim NB[\exp(\sum_{j=0}^p \beta_j(u_i, v_i)x_{ij}), \theta(u_i, v_i)], \quad i = 1, 2, 3, \dots, n \quad (2.21)$$

dimana,

- y_i : Nilai observasi respon ke- i
 x_{ij} : Nilai observasi variabel prediktor ke- j pada pengamatan lokasi (u_i, v_i)
 $\beta_j(u_i, v_i)$: Koefisien regresi variabel prediktor ke- k untuk setiap lokasi (u_i, v_i)
 $\theta(u_i, v_i)$: parameter dispersi untuk setiap lokasi (u_i, v_i)

Fungsi sebaran binomial negatif untuk setiap lokasi berdasarkan persamaan (2.21) dapat ditulis dalam bentuk persamaan berikut:

$$f(y_i | \mathbf{x}_{ij} \beta_j(u_i, v_i), \theta(u_i, v_i)) = \frac{\Gamma(y_i + 1/\theta_i)}{\Gamma(1/\theta_i) \Gamma(y_i + 1)} \left(\frac{1}{1 + \theta_i \mu_i} \right)^{1/\theta_i} \left(\frac{\theta_i \mu_i}{1 + \theta_i \mu_i} \right)^{y_i} \quad (2.22)$$

$i = 0, 1, 2, \dots, n$

dimana,

$$\mu_i = \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))$$

$$\theta_i = \theta(u_i, v_i)$$

2.6.1 Estimasi Parameter Model Geographically Weighted Negative Binomial Regression (GWNBR)

Estimasi parameter model GWNBR dilakukan dengan menggunakan metode *Maximum Likelihood Estimation* (MLE). Langkah awal dari metode ini adalah membentuk fungsi *likelihood* yaitu sebagai berikut:

Fungsi *likelihood*:

$$\begin{aligned}
 L(\boldsymbol{\beta}(u_i, v_i), \theta_i | y_i, x_i) &= \prod_{i=1}^n \left[\frac{\Gamma(y_i + 1/\theta_i)}{\Gamma(1/\theta_i) \Gamma(y_i + 1)} \left(\frac{1}{1 + \theta_i \mu_i} \right)^{1/\theta_i} \left(\frac{\theta_i \mu_i}{1 + \theta_i \mu_i} \right)^{y_i} \right] \\
 &= \prod_{i=1}^n \left(\frac{\Gamma(y_i + 1/\theta_i)}{\Gamma(1/\theta_i) \Gamma(y_i + 1)} \right) \left(\prod_{i=1}^n \left(\frac{1}{1 + \theta_i \mu_i} \right)^{1/\theta_i} \right) \left(\prod_{i=1}^n \left(\frac{\theta_i \mu_i}{1 + \theta_i \mu_i} \right)^{y_i} \right)
 \end{aligned}$$

Diketahui bahwa $\frac{\Gamma(y+c)}{\Gamma(c)} = c(c+1)(c+2) \dots (c+y-1)$, sehingga diperoleh:

$$\frac{\Gamma(y_i + \theta_i^{-1})}{\Gamma(\theta_i^{-1})} = \left(\frac{1}{\theta_i} \right) \left(\frac{1}{\theta_i} + 1 \right) \left(\frac{1}{\theta_i} + 2 \right) \dots \left(\frac{1}{\theta_i} + y_i - 1 \right)$$

$$\begin{aligned}
&= \left(\frac{1}{\theta_i}\right) \left(\frac{1}{\theta_i}\right) (1 + \theta_i) \left(\frac{1}{\theta_i}\right) (1 + 2\theta_i) \dots \left(\frac{1}{\theta_i}\right) (1 + (y_i - 1)\theta_i) \\
&= \prod_{r=0}^{y_i-1} (r + \theta_i^{-1})
\end{aligned}$$

Maka fungsi *likelihood* $L(\boldsymbol{\beta}_{(u_i, v_i)}, \theta_i | y_i, x_i)$ jika disederhanakan adalah sebagai berikut:

$$L(\boldsymbol{\beta}_{(u_i, v_i)}, \theta_i | y_i, x_i) = \prod_{i=1}^n \left(\prod_{r=0}^{y_i-1} (r + \theta_i^{-1}) \right) \frac{1}{(y_i!)} \left(\frac{1}{1 + \theta_i \mu_i} \right)^{1/\theta_i} \left(\frac{\theta_i \mu_i}{1 + \theta_i \mu_i} \right)^{y_i}$$

Kemudian fungsi *likelihood* tersebut diubah dalam bentuk logaritma natural menjadi:

$$\begin{aligned}
&\ln L(\boldsymbol{\beta}_{(u_i, v_i)}, \theta_i | y_i, x_i) \\
&= \sum_{i=1}^n \left[\left(\sum_{r=0}^{y_i-1} \ln(r + \theta_i^{-1}) \right) - \ln(y_i!) + \theta_i^{-1} \ln(1 + \theta_i \mu_i) + y_i \ln \left(\frac{\theta_i \mu_i}{1 + \theta_i \mu_i} \right) \right] \\
&= \sum_{i=1}^n \left[\left(\sum_{r=0}^{y_i-1} \ln(r + \theta_i^{-1}) \right) - \ln(y_i!) + y_i \ln \theta_i \mu_i - (y_i + \theta_i^{-1}) \ln(1 + \theta_i \mu_i) \right]
\end{aligned}$$

Dengan $\mu_i = \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}_{(u_i, v_i)})$ maka diperoleh bentuk lain dari persamaan logaritma fungsi *likelihood* menjadi:

$$\ln L(\boldsymbol{\beta}_{(u_i, v_i)}, \theta_i | y_i, x_i) = \sum_{i=1}^n [a + b - c]$$

Faktor letak geografis merupakan faktor pembobot pada model GWNBR. Faktor ini memiliki nilai yang berbeda untuk setiap wilayah yang menunjukkan sifat lokasi pada model GWNBR. Oleh karena itu, pembobot diberikan pada bentuk persamaan *ln-likelihood* untuk model GWNBR, sehingga diperoleh bentuk persamaan dibawah ini:

$$\ln L(\boldsymbol{\beta}_{(u_i, v_i)}, \theta_i | y_i, x_i) = \sum_{i=1}^n w_{i(u_i, v_i)} [a + b - c] \quad (2.23)$$

Dengan keterangan:

$$a = \left(\sum_{r=0}^{y_i-1} \ln(r + \theta_i^{-1}) \right) - \ln(y_i!)$$

$$b = y_i \ln(\theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}_{(u_i, v_i)}))$$

$$c = (y_i + \theta_i^{-1}) \ln(1 + \theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}_{(u_i, v_i)}))$$

Faktor pembobot untuk setiap lokasi berbeda-beda. Fungsi pembobot yang digunakan adalah fungsi *Kernel Fixed Gaussian* yang dapat ditulis sebagai berikut.

$$w_{ik} = \exp \left(- \left(d_{ik} / b \right)^2 \right) \quad (2.24)$$

dengan

$d_{ik} = \sqrt{(u_i - u_k)^2 + (v_i - v_k)^2}$ yaitu jarak antar lokasi (u_i, v_i) ke lokasi (v_k, v_k)

b = parameter non-negatif yang diketahui dan biasanya disebut parameter penghalus (*bandwidth*).

Pemilihan *bandwidth* optimum menjadi sangat penting karena akan mempengaruhi ketepatan model terhadap data, yaitu mengatur varians dan bias dari model. Secara praktek adalah tidak mungkin meminimumkan nilai varians dan bias secara bersamaan, sebab hubungan antara varians dan bias adalah berbanding terbalik. Oleh karena itu digunakan kriteria minimum *cross validation* (CV) untuk menentukan *bandwidth* optimum, yang dirumuskan sebagai berikut.

$$CV(b) = \sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_{\neq i}(b_i))^2 \quad (2.25)$$

$\hat{y}_{\neq i}(b_i)$ merupakan penaksir y_i dimana pengamatan lokasi (u_i, v_i) dihilangkan dalam proses estimasi.

Selanjutnya turunan pertama dari logaritma fungsi *likelihood* terhadap parameter dispersi θ adalah:

$$\begin{aligned} \frac{\partial \ln L(.)}{\partial \theta_i} &= \sum_{i=1}^n w_{j(u_i, v_i)} \left[\frac{\partial a}{\partial \theta_i} + \frac{\partial b}{\partial \theta_i} - \frac{\partial c}{\partial \theta_i} \right] \\ \frac{\partial a}{\partial \theta_i} &= -\theta_i^{-2} \sum_{r=0}^{y_i-1} \frac{1}{(r+\theta_i^{-1})} \\ \frac{\partial b}{\partial \theta_i} &= y_i \frac{1}{\theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))} (\exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))) = \frac{y_i}{\theta_i} \\ \frac{\partial c}{\partial \theta_i} &= \left(-\frac{\ln(1+\theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)))}{\theta_i^2} + \frac{(y_i + \theta_i^{-1}) \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))}{1 + \theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))} \right) \\ &= (-d + e) \end{aligned}$$

Dimana

$$d = \frac{\ln(1+\theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)))}{\theta_i^2} \quad \text{dan} \quad e = \frac{(y_i + \theta_i^{-1}) \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))}{1 + \theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))}$$

Sehingga

$$\frac{\partial \ln L(.)}{\partial \theta_i} = \sum_{i=1}^n w_{i(u_i, v_i)} \left[\frac{\partial a}{\partial \theta_i} + \frac{\partial b}{\partial \theta_i} + d - e \right]$$

Turunan kedua dari logaritma fungsi *likelihood* terhadap parameter dispersi θ adalah :

$$\frac{\partial^2 \ln L(.)}{\partial \theta_i^2} = \sum_{i=1}^n w_{i(u_i, v_i)} \left[\frac{\partial^2 a}{\partial \theta_i^2} + \frac{\partial^2 b}{\partial \theta_i^2} - \frac{\partial^2 c}{\partial \theta_i^2} \right]$$

Dengan keterangan:

$$\begin{aligned} \frac{\partial^2 a}{\partial \theta_i^2} &= \sum_{r=0}^{y_i-1} \frac{2\theta_i^{-3}(r+\theta_i^{-1})-\theta_i^{-4}}{(r+\theta_i^{-1})^2} \\ &= \sum_{r=0}^{y_i-1} \frac{2\theta_i^{-3}r+2\theta_i^{-4}-\theta_i^{-4}}{(r+\theta_i^{-1})^2} \\ &= \sum_{r=0}^{y_i-1} \theta_i^{-3} \frac{(2r+\theta_i^{-1})}{(r+\theta_i^{-1})^2} \end{aligned}$$

$$\frac{\partial^2 b}{\partial \theta_i^2} = -\frac{y_i}{\theta_i^2}$$

$$\begin{aligned} \frac{\partial^2 c}{\partial \theta_i^2} &= 2 \left(\frac{\exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))}{(1+\theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)))} \frac{1}{\theta_i^2} \right) - \frac{2 \ln(1+\theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)))}{\theta_i^3} + \\ &\quad \frac{(\exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)))^2 (y_i + \theta_i^{-1})}{(1+\theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)))^2} \end{aligned}$$

sehingga

Untuk mendapatkan $\hat{\beta}_{0(u_i, v_i)}, \hat{\beta}_{1(u_i, v_i)}, \dots, \hat{\beta}_{p(u_i, v_i)}$ yang merupakan estimasi parameter dari setiap lokasi maka bentuk persamaan $\ln L(.)$ diturunkan terhadap $\hat{\beta}_{0(u_i, v_i)}, \hat{\beta}_{1(u_i, v_i)}, \dots, \hat{\beta}_{p(u_i, v_i)}$ sebagai berikut.

$$\frac{\partial \ln L(.)}{\partial \beta_{0(u_i, v_i)}} = \sum_{i=1}^n w_{i(u_i, v_i)} \left[\frac{\partial a}{\partial \beta_{0(u_i, v_i)}} + \frac{\partial b}{\partial \beta_{0(u_i, v_i)}} - \frac{\partial c}{\partial \beta_{0(u_i, v_i)}} \right]$$

$$\frac{\partial a}{\partial \beta_{0(u_i, v_i)}} = 0$$

$$\frac{\partial b}{\partial \beta_{0(u_i, v_i)}} = y_i$$

$$\frac{\partial c}{\partial \beta_{0(u_i, v_i)}} = \frac{(y_i + \theta_i^{-1})(\theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)))}{1 + \theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))}$$

Sehingga, dengan mensubstitusikan nilai nilai di atas dan disederhanakan akan menjadi:

$$\frac{\partial \ln L(.)}{\partial \beta_{0(u_i, v_i)}} = \sum_{i=1}^n w_{i(u_i, v_i)} \left[y_i - \frac{(y_i + \theta_i^{-1})(\theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)))}{1 + \theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))} \right]$$

Selanjutnya,

$$\frac{\partial \ln L(.)}{\partial \beta_{1(u_i, v_i)}} = \sum_{i=1}^n w_{i(u_i, v_i)} \left[\frac{\partial a}{\partial \beta_{1(u_i, v_i)}} + \frac{\partial b}{\partial \beta_{1(u_i, v_i)}} - \frac{\partial c}{\partial \beta_{1(u_i, v_i)}} \right]$$

$$\frac{\partial a}{\partial \beta_{1(u_i, v_i)}} = 0$$

$$\frac{\partial b}{\partial \beta_{1(u_i, v_i)}} = y_i x_{1i}$$

$$\frac{\partial c}{\partial \beta_{1(u_i, v_i)}} = \frac{(y_i + \theta_i^{-1})(\theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)) x_{1i})}{1 + \theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))}$$

Sehingga, dengan mensubstitusikan nilai nilai di atas dan disederhanakan menjadi:

$$\frac{\partial \ln L(.)}{\partial \beta_{1(u_i, v_i)}} = \sum_{i=1}^n w_{i(u_i, v_i)} \left[y_i x_{1i} - \frac{(y_i + \theta_i^{-1})(\theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)) x_{1i})}{1 + \theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))} \right]$$

Bentuk umum turunan pertama fungsi likelihood terhadap $\beta_{j(u_i, v_i)}$ adalah:

$$\frac{\partial \ln L(.)}{\partial \beta_{j(u_i, v_i)}} = \sum_{i=1}^n w_{i(u_i, v_i)} \left[y_i x_{ji} - \frac{(y_i + \theta_i^{-1})(\theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)) x_{ji})}{1 + \theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))} \right]$$

Turunan parsial kedua logaritma fungsi *likelihood* terhadap parameter regresi $\boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)$ adalah:

$$\frac{\partial^2 \ln L(.)}{\partial \boldsymbol{\beta}^T(u_i, v_i) \partial \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)} = \sum_{i=1}^n w_{i(u_i, v_i)} \left[\frac{\partial b}{\partial \boldsymbol{\beta}^T(u_i, v_i) \partial \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)} - \frac{\partial c}{\partial \boldsymbol{\beta}^T(u_i, v_i) \partial \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)} \right]$$

misal fungsi likelihood diturunkan terhadap $\beta_{0(u_i, v_i)}$ dan $\beta_{1(u_i, v_i)}$ maka

$$\frac{\partial^2 \ln L(.)}{\partial \beta_{0(u_i, v_i)} \partial \beta_{1(u_i, v_i)}} = \sum_{i=1}^n w_{i(u_i, v_i)} \left[\frac{\partial b}{\partial \beta_{0(u_i, v_i)} \partial \beta_{1(u_i, v_i)}} - \frac{\partial c}{\partial \beta_{0(u_i, v_i)} \partial \beta_{1(u_i, v_i)}} \right]$$

dimana

$$\frac{\partial b}{\partial \beta_{0(u_i, v_i)} \partial \beta_{1(u_i, v_i)}} = 0$$

$$\frac{\partial c}{\partial \beta_{0(u_i, v_i)} \partial \beta_{1(u_i, v_i)}} = \left[- \frac{(\theta_i^2 x_1 \exp(\mathbf{x}_1^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))^2)(y_i + \theta_i^{-1})}{(1 + \theta_i \exp(\mathbf{x}_1^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)))^2} + \frac{\theta_i x_1 \exp(\mathbf{x}_1^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)) (y_i + \theta_i^{-1})}{1 + \theta_i \exp(\mathbf{x}_1^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))} \right]$$

sehingga bentuk umum dari turunan kedua logaritma fungsi *likelihood* terhadap parameter regresi $\beta_{0(u_i, v_i)}$ dan $\beta_{j(u_i, v_i)}$ adalah

$$\frac{\partial^2 \ln L(.)}{\partial \beta_{0(u_i, v_i)} \partial \beta_{j(u_i, v_i)}} = \sum_{i=1}^n w_{i(u_i, v_i)} \left[\frac{(\theta_i^2 x_{ji} \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))^2)(y_i + \theta_i^{-1})}{(1 + \theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)))^2} - \frac{\theta_i x_{ji} \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)) (y_i + \theta_i^{-1})}{1 + \theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))} \right]$$

dan bentuk umum dari turunan kedua logaritma fungsi *likelihood* terhadap parameter regresi $\beta_{j(u_i, v_i)}$ dan $\beta_{j(u_i, v_i)}$ adalah

$$\frac{\partial^2 \ln L(.)}{\partial \beta_{j(u_i, v_i)} \partial \beta_{j(u_i, v_i)}} = \sum_{i=1}^n w_{i(u_i, v_i)} \left[\frac{(\theta_i^2 x_{ji}^2 \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))^2)(y_i + \theta_i^{-1})}{(1 + \theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)))^2} - \frac{\theta_i x_{ji}^2 \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)) (y_i + \theta_i^{-1})}{1 + \theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))} \right]$$

Turunan parsial kedua logaritma fungsi *likelihood* terhadap parameter regresi $\boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)$ dan parameter dispersi θ_i adalah:

$$\frac{\partial^2 \ln L(.)}{\partial \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i) \partial \theta_i} = \sum_{i=1}^n w_{i(u_i, v_i)} \left[\frac{\partial b}{\partial \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i) \partial \theta_i} - \frac{\partial c}{\partial \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i) \partial \theta_i} \right]$$

misal fungsi *likelihood* diturunkan terhadap $\beta_{1(u_i, v_i)}$ dan θ_i maka

$$\frac{\partial^2 \ln L(.)}{\partial \beta_{1(u_i, v_i)} \partial \theta_i} = \sum_{i=1}^n w_{i(u_i, v_i)} \left[\frac{\partial b}{\partial \beta_{1(u_i, v_i)} \partial \theta_i} - \frac{\partial c}{\partial \beta_{1(u_i, v_i)} \partial \theta_i} \right]$$

dimana

$$\frac{\partial b}{\partial \beta_{1(u_i, v_i)} \partial \theta_i} = 0$$

$$\begin{aligned} \frac{\partial c}{\partial \beta_{1(u_i, v_i)} \partial \theta_i} = & - \frac{x_1 \exp(\mathbf{x}_1^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))}{(1 + \theta_i \exp(\mathbf{x}_1^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))) \theta_i} \\ & + \frac{(x_1 \exp(\mathbf{x}_1^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))) (y_i + \theta_i^{-1})}{1 + \theta_i \exp(\mathbf{x}_1^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))} \\ & - \frac{(\theta_i x_1 \exp(\mathbf{x}_1^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))^2)(y_i + \theta_i^{-1})}{(1 + \theta_i \exp(\mathbf{x}_1^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)))^2} \end{aligned}$$

sehingga bentuk umum dari turunan kedua logaritma fungsi *likelihood* terhadap parameter regresi $\beta_{i(u_i, v_i)}$ dan θ_i adalah

$$\frac{\partial^2 \ln L(.)}{\partial \beta_{i(u_i, v_i)} \partial \theta_i} = \sum_{i=1}^n w_{i(u_i, v_i)} \left[\frac{x_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))}{(1 + \theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))) \theta_i} - \frac{(x_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))) (y_i + \theta_i^{-1})}{1 + \theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i))} + \frac{(\theta_i x_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)))^2 (y_i + \theta_i^{-1})}{(1 + \theta_i \exp(\mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta}(u_i, v_i)))^2} \right]$$

Turunan-turunan parsial dari persamaan log-*likelihood* di atas, jika dinyatakan dalam bentuk matriks menjadi:

$$\mathbf{g}^T(\boldsymbol{\beta}_{(m)}) = \left[\frac{\partial \ln L(.)}{\partial \theta}, \frac{\partial \ln L(.)}{\partial \beta_0}, \frac{\partial \ln L(.)}{\partial \beta_1}, \dots, \frac{\partial \ln L(.)}{\partial \beta_p} \right]$$

Proses estimasi parameter koefisien regresi diperoleh melalui metode iterasi numerik yaitu metode iterasi numerik Newton Raphson. Metode Newton Raphson digunakan untuk menemukan solusi dari fungsi log-*likelihood* sehingga diperoleh nilai yang cukup konvergen untuk dijadikan sebagai estimasi bagi masing-masing parameter. Algoritma metode Newton Raphson sebagai berikut:

1. Menentukan nilai estimasi awal parameter

$$\hat{\boldsymbol{\beta}}_{(0)} = [\theta_0 \quad \beta_{00} \quad \dots \quad \beta_{p0}], \text{ iterasi pada saat } m=0$$

2. Membentuk vektor g

$$\mathbf{g}^T(\hat{\boldsymbol{\beta}}_{(m)})_{(p+1)} = \left[\frac{\partial \ln L(.)}{\partial \theta}, \frac{\partial \ln L(.)}{\partial \beta_0}, \frac{\partial \ln L(.)}{\partial \beta_1}, \dots, \frac{\partial \ln L(.)}{\partial \beta_p} \right]_{\boldsymbol{\beta}=\hat{\boldsymbol{\beta}}_{(m)}}$$

Dengan p adalah banyaknya parameter yang diestimasi.

3. Membentuk matriks Hessian \mathbf{H} yang elemennya adalah:

$$\mathbf{H}(\hat{\boldsymbol{\beta}}_{(m)})_{(p+2)(p+2)} = \begin{bmatrix} \frac{\partial^2 \ln L(.)}{\partial \theta_i^2} & \frac{\partial^2 \ln L(.)}{\partial \theta_i \partial \beta_0} & \dots & \frac{\partial^2 \ln L(.)}{\partial \theta_i \partial \beta_p} \\ & \frac{\partial^2 \ln L(.)}{\partial \beta_0^2} & \dots & \frac{\partial^2 \ln L(.)}{\partial \beta_0 \partial \beta_p} \\ & & \ddots & \vdots \\ \text{simetris} & & & \frac{\partial^2 \ln L(.)}{\partial \beta_p^2} \end{bmatrix}_{\boldsymbol{\beta}=\hat{\boldsymbol{\beta}}_{(m)}}$$

Matriks Hessian ini disebut juga matriks informasi.

4. Melakukan iterasi mulai dari $m=0$ pada persamaan:

$$\hat{\beta}_{(m+1)} = \hat{\beta}_{(m)} - \mathbf{H}_{(m)}^{-1}(\hat{\beta}_{(m)}) \mathbf{g}_{(m)}(\hat{\beta}_{(m)})$$

5. Proses iterasi dapat dihentikan ketika nilai estimasi yang diperoleh sudah konvergen ke suatu nilai ,atau $\hat{\beta}_{(m+1)} \approx \hat{\beta}_{(m)}$
6. Jika belum mencapai penaksir parameter yang konvergen, maka pada langkah ke-2 hingga konvergen. Penaksir parameter yang konvergen diperoleh jika $\|\hat{\beta}_{(m+1)} - \hat{\beta}_{(m)}\| < \varepsilon$, ε merupakan bilangan yang sangat kecil.

2.6.2 Pengujian Hipotesis Model Geographically Weighted Negative Binomial Regression (GWNBR)

Terdapat tiga macam pengujian parameter untuk model GWNBR, antara lain sebagai berikut:

- a. Pengujian kesamaan model GWNBR dengan regresi binomial negatif

Pengujian pertama yang dilakukan adalah menguji kesamaan antara model GWNBR dengan model regresi binomial negatif dengan hipotesis pengujian kesamaan adalah:

$$H_0: \beta_j(u_i, v_i) = \beta_j \quad j = 0, 1, 2, \dots, p; i = 1, 2, \dots, n$$

$$H_1: \beta_j(u_i, v_i) \neq \beta_j$$

Misalkan model GWNBR disebut model B dengan derajat bebas df_B dan model binomial negatif disebut model A dengan derajat bebas df_A maka statistik ujinya adalah sebagai berikut:

$$F_{hit} = \frac{\text{Devians Model A} / df_A}{\text{Devians Model B} / df_B} \quad (2.26)$$

Mengikuti distribusi F dengan derajat bebas df_A dan df_B .

Kriteria Penolakan: Tolak H_0 jika nilai $F_{hit} > F_{(\alpha, df_A, df_B)}$ artinya bahwa ada perbedaan yang signifikan antara model binomial negatif dengan model GWNBR. Namun jika gagal tolak H_0 , yaitu jika $F_{hit} \leq F_{(\alpha, df_A, df_B)}$ artinya bahwa tidak ada perbedaan yang signifikan antara model binomial negatif dengan

model GWNBR. Ketika disimpulkan bahwa antara kedua model tidak sama, maka perlu dilakukan pengujian serentak parameter model GWNBR. Devians model regresi binomial negatif maupun GWNBR adalah sebagai berikut:

$$D(\hat{\beta}) = 2 \left(\ln L(\hat{\Omega}) - \ln L(\hat{\omega}) \right)$$

$L(\hat{\omega})$ merupakan suatu fungsi *likelihood* untuk model tidak lengkap, dan $L(\hat{\Omega})$ merupakan suatu fungsi *likelihood* untuk model lengkap dengan variabel prediktor dengan himpunan Ω yang terdiri dari parameter-parameter di bawah populasi yaitu $\Omega = \{\beta_{1(u_i, v_i)}, \beta_{2(u_i, v_i)}, \dots, \beta_p(u_i, v_i)\}$
 $\omega = \{\beta_0(u_i, v_i)\}$

b. Pengujian secara serentak

Berikut ini adalah hipotesis untuk pengujian parameter model GWNBR secara serentak dengan menggunakan *Maximum Likelihood Ratio Test* (MLRT). Dengan hipotesis pengujian secara serentak adalah:

$$H_0: \beta_1(u_i, v_i) = \beta_2(u_i, v_i) = \dots = \beta_p(u_i, v_i) = 0$$

$$H_1: \text{paling sedikit ada satu } \beta_j(u_i, v_i) \neq 0$$

Statistik Uji :

$$D(\hat{\beta}) = 2 \left(\ln L(\hat{\Omega}) - \ln L(\hat{\omega}) \right)$$

dengan $L(\hat{\omega})$ dan $L(\hat{\Omega})$ sebagai berikut.

$$L(\hat{\omega}) = \prod_{i=1}^n \left(\prod_{r=0}^{y_i-1} (r + \hat{\theta}_i^{-1}) \right) \frac{1}{(y_i!)} \left(\frac{1}{1 + \hat{\theta}_i \hat{\mu}_i} \right)^{1/\hat{\theta}_i} \left(\frac{\hat{\theta}_i \hat{\mu}_i}{1 + \hat{\theta}_i \hat{\mu}_i} \right)^{y_i}$$

$$\ln L(\hat{\omega}) = \sum_{i=1}^n \left[\left(\sum_{r=0}^{y_i-1} \ln(r + \hat{\theta}_i^{-1}) \right) - \ln(y_i!) + y_i \ln \hat{\theta}_i \hat{\mu}_i - (y_i + \hat{\theta}_i^{-1}) \ln(1 + \hat{\theta}_i \hat{\mu}_i) \right]$$

dengan $\hat{\mu}_i = \exp(\hat{\beta}_0(u_i, v_i))$

$$L(\hat{\Omega}) = \prod_{i=1}^n \left(\prod_{r=0}^{y_i-1} (r + \hat{\theta}_i^{-1}) \right) \frac{1}{(y_i!)} \left(\frac{1}{1 + \hat{\theta}_i \hat{\mu}_i} \right)^{1/\hat{\theta}_i} \left(\frac{\hat{\theta}_i \hat{\mu}_i}{1 + \hat{\theta}_i \hat{\mu}_i} \right)^{y_i}$$

$$\ln L(\widehat{\Omega}) = \sum_{i=1}^n \left[\left(\sum_{r=0}^{y_i-1} \ln(r + \widehat{\theta}_i^{-1}) \right) - \ln(y_i!) + y_i \ln \widehat{\theta}_i \mu_i - (y_i + \widehat{\theta}_i^{-1}) \ln(1 + \widehat{\theta}_i \mu_i) \right]$$

dengan $\widehat{\mu}_i = \exp(\sum_{l=0}^p \widehat{\beta}_l(u_i, v_i) x_{il})$

Kriteria Penolakan : Tolak H_0 jika nilai $D(\widehat{\beta}) > \chi^2_{(\alpha;p)}$ artinya bahwa paling tidak ada satu parameter model GWNBR yang signifikan berpengaruh.

b. Pengujian parameter secara parsial

Pengujian ini bertujuan untuk mengetahui parameter mana saja yang berpengaruh secara signifikan terhadap variabel respon pada tiap-tiap lokasi. Hipotesis yang digunakan dalam pengujian parameter model GWNBR adalah:

$$H_0: \beta_j(u_i, v_i) = 0$$

$$H_1: \beta_j(u_i, v_i) \neq 0$$

Statistik uji:

$$Z = \frac{\widehat{\beta}_j(u_i, v_i)}{se(\widehat{\beta}_j(u_i, v_i))} \quad (2.27)$$

Kriteria Penolakan: Tolak H_0 jika nilai $|Z| > Z_{\alpha/2}$ artinya bahwa parameter j berpengaruh secara signifikan terhadap variabel respon pada tiap-tiap lokasi (Ricardo dan Carvalho, 2013).

2.7 Pemilihan Model Terbaik

Kriteria yang digunakan untuk memilih model regresi terbaik adalah *Akaike Information Criterion* (AIC). AIC merupakan kriteria yang digunakan untuk memilih model terbaik yang didefinisikan sebagai berikut.

$$AIC = -2 \ln L(\boldsymbol{\beta}) + 2K \quad (2.28)$$

dimana $\ln L(\boldsymbol{\beta})$ merupakan nilai likelihood yang didapat dari persamaan (2.6) untuk regresi poisson, persamaan (2.15) untuk regresi binomial negatif dan persamaan (2.23) untuk GWNBR, K merupakan jumlah parameter dalam model. Model terbaik adalah model yang memiliki nilai AIC terkecil.

2.8 *Flexibly Shaped Spatial Scan Statistic*

Spatial Scan Statistic merupakan salah satu metode statistik yang digunakan untuk mendeteksi *cluster* pada sebuah lokasi yang berupa titik maupun data agregat. Beberapa metode *Scan Statistic* antara lain *Circular Spatial Scan Statistic* yang diperkenalkan oleh Martin Kulldorff tahun 1997, *Upper Level Set Scan Statistic (Noncircular Spatial Scan Statistic)* yang diperkenalkan oleh Patil dan Taillie tahun 2003, dan metode *Flexibly Spatial Scan Statistic* yang diperkenalkan pertama kali oleh Toshiro Tango dan Kunihiro Takahashi pada tahun 2005.

Metode *Flexibly Spatial Scan Statistic* mempunyai *power* lebih tinggi daripada metode *Circular Spatial Scan Statistic* saat *cluster* yang dideteksi adalah *non-circular* dan fleksibel terhadap bentuk kantong yang dihasilkan sehingga tidak terbatas pada bentuk lingkaran saja (Tango dan Takahashi, 2005). Untuk mendeteksi *hotspot* dengan metode *Flexibly Spatial Scan Statistic*, pada awalnya suatu daerah dibagi menjadi n daerah seperti kabupaten dan sebagainya. Jumlah kasus yang ada di wilayah i dilambangkan dengan Y_i dengan nilai yang diamati $i=1,2,\dots,n$ diasumsikan saling bebas dan mengikuti sebaran Poisson dengan fungsi peluang seperti persamaan (2.3). Untuk menentukan letak geografis masing-masing daerah digunakan titik koordinat pusat penduduk administrasi.

Pada awalnya, *Flexibly Scan Statistic* ditempatkan pada kantong yang tidak teratur (*irregularly shaped*) pada setiap wilayah. *Window* ke- i dilambangkan dengan W_i yang merupakan kumpulan wilayah i dan wilayah-wilayah yang berbatasan dengan wilayah i yang kemudian disusun himpunan Z yang bentuknya tidak teratur dengan panjang l pada setiap wilayah, terdiri atas l wilayah (termasuk kabupaten/kota i). Z merupakan himpunan bagian dari W dan panjangnya mulai dari 1 sampai panjang maksimum L (*pre-set maximum L*). Untuk menghindari pendeteksian kantong yang bentuknya aneh (*unlikely peculiar shape*), wilayah yang berbatasan dibatasi sebagai himpunan bagian dari wilayah i dan $(L-1)$ wilayah sekitar yang terdekat

dengan wilayah i dimana L adalah *pre-specified maximum length* dari *cluster*. Selanjutnya akan terbentuk Z yang berbeda-beda dan saling *overlapping* (tumpang tindih). Misalkan $Z_{il(m)}$, $m=1, \dots, m_{il}$ melambangkan Z ke- m yang merupakan himpunan l wilayah yang berhubungan dimulai dari wilayah i , dimana m_{il} adalah jumlah m yang memenuhi $Z_{il(m)} \subseteq Z_{il}$ untuk $l = 1, 2, \dots, L$. Kemudian semua Z yang diperiksa dimasukkan dalam himpunan berikut.

$$Z = \{Z_{il(m)} | 1 \leq i \leq n, 1 \leq l \leq L, 1 \leq m \leq m_{il}\} \quad (2.29)$$

Algoritma yang digunakan untuk mendapatkan Z dengan *pre-specified maximum length* L (Tango dan Takahashi, 2005) adalah sebagai berikut.

1. Pertama, membuat sebuah matriks $A = (a_{ih})$ berukuran $n \times n$ sedemikian hingga

$$a_{ih} = \begin{cases} 1 & , \text{jika wilayah } i \text{ dan } h \text{ bersebelahan atau contiguity} \\ 0 & , \text{untuk lainnya} \end{cases}$$
 dan set $Z_2 = \emptyset$ dan $i_0 = 0$
2. Misalkan $i_0 \leftarrow i_0 + 1$ dan $i_0 (=1, 2, \dots, m)$ menjadi wilayah awal. Kemudian dibentuk W_{i_0} yang terdiri dari $(L-1)$ *nearest neighbours* ke wilayah awal i_0 dan i_0 sendiri, sebagai contoh $W_{i_0} = \{i_0, i_1, \dots, i_{L-1}\}$ dimana i_l adalah l wilayah ke- l terdekat terhadap i_0 .
3. Pertimbangkan semua himpunan $Z \subset W_{i_0}$, dimana termasuk wilayah awal i_0 . Untuk himpunan Z lainnya, ulangi langkah 4-7.
4. Bagi himpunan Z menjadi dua disjoint : $Z_0 = \{i_0\}$ dan Z_1 dimana berisi wilayah lain yang terdapat dalam Z .
5. Buat dua himpunan baru Z'_0 dan Z'_1 . Z'_0 terdiri dari wilayah Z_1 yang berbatasan dengan wilayah Z_0 . Di sisi lain, Z'_1 terdiri dari wilayah Z_1 yang tidak berbatasan dengan wilayah Z_0 . Kemudian, ganti Z_0 dan Z_1 dengan Z'_0 dan Z'_1 .
6. Ulangi langkah 5 secara rekursif sampai Z_0 dan Z_1 menjadi himpunan kosong.
7. Buat kesimpulan sebagai berikut.

Z dikatakan berhubungan (*connected*) ketika Z_1 menjadi himpunan kosong terlebih dahulu dan tidak berhubungan ketika Z_0 menjadi himpunan kosong terlebih dahulu, maka Z dimasukkan dalam set Z . Jika Z tidak berhubungan maka Z dibuang.

8. Ulangi langkah 2-7 sampai pada akhirnya diperoleh himpunan Z yang terdiri dari Z berbentuk tertentu dengan *maximum length* adalah L .

2.8.1 Likelihood Ratio Test dan Pengujian Hipotesis Monte Carlo

Untuk setiap wilayah i dan panjang dari *scanning window*, hipotesis alternatifnya adalah minimal ada satu *window* Z yang mempunyai peluang resiko lebih tinggi (*elevated risk*) daripada di luar *window*. Dengan kata lain, hipotesis yang digunakan adalah sebagai berikut.

$$H_0 : E(Y(Z)) = \mu(Z) \text{ untuk semua } Z$$

$$H_1 : E(Y(Z)) > \mu(Z) \text{ untuk beberapa } Z$$

dimana $Y(\cdot)$ melambangkan jumlah kasus yang random dan $\mu(\cdot)$ merupakan nilai harapan dari kasus *window* tertentu.

Pada setiap *window*, dapat dihitung *likelihood* untuk mengetahui jumlah kasus di dalam dan di luar *window*. Persamaan *likelihood* untuk setiap *window* dengan mengikuti distribusi binomial negatif, uji statistik yang disusun dengan *likelihood ratio test* (Kulldorff, 1997) adalah sebagai berikut.

$$\lambda = \sup_{Z \in Z} \left\{ \left(\frac{y(Z)}{\mu(Z)} \right)^{n(Z)} \left(\frac{y(Z^c)}{\mu(Z^c)} \right)^{n(Z^c)} I \left(\frac{y(Z)}{\mu(Z)} > \left(\frac{y(Z^c)}{\mu(Z^c)} \right) \right) \right\} \quad (2.30)$$

dimana Z^c melambangkan semua wilayah di luar *window* Z , $y(\cdot)$ melambangkan jumlah kasus dalam *window* yang ditentukan, $n(Z)$ adalah banyaknya wilayah dalam *window* Z , $n(Z^c)$ adalah banyaknya wilayah di luar *window* Z , dan $I(\cdot)$ merupakan fungsi indikator. Ketika memeriksa kantong dengan *high rates*, maka $I(\cdot)$ memiliki nilai 1 jika Z memiliki peluang lebih besar dan 0 jika lainnya.

Uji statistik yang dilakukan menggunakan pengujian hipotesis Monte Carlo. *P-value* diperoleh dengan membandingkan *rank* dari *likelihood* yang maksimal dari data yang sebenarnya dengan *likelihood* yang maksimal dari himpunan data acak. Jika *rank* dilambangkan dengan R maka $p\text{-value} = R/(1+\#\text{simulasi})$ dimana $\#\text{simulasi}$ menunjukkan banyaknya replikasi yang digunakan.

Prosedur untuk mendapatkan *p-value* dengan pendekatan *Monte Carlo* adalah sebagai berikut.

1. Hitung penjumlahan nilai *log likelihood ratio* tertinggi t_0 untuk data riil.
2. Membangun data acak yang ukurannya sama dengan data riil yang dibangun di bawah kondisi H_0 .
3. Melakukan proses pembentukan *scanning window* Z dari data acak yang dibangun berdasarkan kondisi H_0 .
4. Mencari nilai *log likelihood ratio* dari setiap *scanning window*, dan dicatat apakah jumlah kasus yang diamati lebih besar atau lebih kecil dari yang diestimasi, kemudian menjumlahkan nilai *log likelihood ratio* yang jumlah kasusnya lebih besar dari jumlah yang diestimasi, untuk setiap *scanning window*. Langkah selanjutnya, mendapatkan penjumlahan nilai *log likelihood ratio* yang tertinggi dari simulasi pertama pembangunan data acak tersebut.
5. Mengulang langkah 2, 3, dan 4 sebanyak m kali pengulangan/simulasi, sehingga memperoleh m penjumlahan nilai *log likelihood ratio* tertinggi dari data acak dan data riil.
6. Hitung *p-value*, $p = \frac{\text{banyaknya } (T(x) \geq t_0)}{m+1}$ (2.31)

t_0 menyatakan penjumlahan nilai *log likelihood ratio* tertinggi yang dimiliki suatu *scanning window* Z dari data riil. $T(x)$ adalah penjumlahan nilai *log likelihood ratio* dari data acak yang dibangun di bawah kondisi H_0 . m adalah banyaknya simulasi untuk membangun data di bawah kondisi H_0 . Jika $P\text{-value} < \alpha$ maka tolak H_0 yang berarti bahwa *window* Z adalah wilayah kantong yang signifikan.

Kantong-kantong yang terbentuk (*window Z*) diurutkan berdasarkan nilai *likelihood*-nya dan *window Z* yang memiliki nilai *likelihood* lebih besar daripada yang lain dan nyata pada tingkat signifikansi tertentu akan membentuk *hotspot*. Sedangkan kantong-kantong yang memiliki maksimum *likelihood* didefinisikan sebagai *most likely cluster* (MLC).

2.9 Demam Berdarah Dengue (DBD)

Penyakit Demam Berdarah Dengue (DBD) adalah penyakit yang disebabkan oleh virus dengue, yang masuk ke peredaran darah manusia melalui gigitan nyamuk dari genus *Aedes*, misalnya *Aedes aegypti* atau *Aedes albopictus*. Penyakit DBD dapat muncul sepanjang tahun dan dapat menyerang seluruh kelompok umur. Penyakit ini berkaitan dengan kondisi lingkungan dan perilaku masyarakat. Penyakit ini masih menjadi permasalahan kesehatan masyarakat karena fatalitasnya dalam menyebabkan kematian dan kerapnya Kejadian Luar Biasa (KLB) yang terjadi pada bulan tertentu. Adapun nyamuk *Aedes aegypti* memiliki kemampuan terbang mencapai radius 100-200 meter. Oleh karena itu, jika di suatu lingkungan terkena kasus DBD, maka masyarakat yang berada pada radius tersebut harus waspada.

Virus ini muncul akibat pengaruh musim atau alam serta perilaku manusia. Penyakit DBD pertama kali di Indonesia ditemukan di Surabaya (Jawa Timur) pada tahun 1968 dan menyebar ke berbagai daerah. Pada tahun 1980 telah diketahui bahwa seluruh provinsi di Indonesia telah terjangkit DBD, kecuali Timor-Timur. Peningkatan jumlah kasus dan wilayah yang terjangkit disebabkan oleh semakin baiknya sarana transportasi penduduk, adanya pemukiman baru, kurangnya kesadaran manusia terhadap pembersihan sarang nyamuk, terdapatnya vector nyamuk hampir di seluruh pelosok tanah air dan adanya sel tipe virus yang bersirkulasi sepanjang tahun. Penyakit ini juga dapat diderita oleh orang yang sebagian besar tinggal di lingkungan lembab dan pinggiran kumuh.

Nyamuk *Aedes aegypti* lebih menyukai tempat yang gelap, berbau, dan lembap. Tempat perindukan yang sering dipilih *Aedes aegypti* adalah kawasan yang padat dengan sanitasi yang kurang memadai, terutama digenakan air dalam rumah, seperti pot, vas bunga, bak mandi atau tempat penyimpanan air lainnya seperti tempayan, drum, atau ember plastik (Tobing, 2011).

Menurut Notoatmodjo (2003), faktor lingkungan memegang peranan penting dalam penularan penyakit, terutama lingkungan rumah yang tidak memenuhi syarat. Lingkungan rumah merupakan salah satu faktor yang memberikan pengaruh besar terhadap status kesehatan penghuninya.

Pada penderita penyakit demam berdarah akan mengalami gejala-gejala yang dapat muncul dengan tiba-tiba. Gejala tersebut antara lain adalah demam tinggi yang mendadak dalam 2 hingga 7 hari dan bersifat bifastik atau seperti pelana kuda yaitu panas yang diderita akan turun di hari ke 3 dan ke 4 namun akan naik lagi di hari berikutnya. Gejala lain adalah nyeri pada tubuh, sakit perut, lesu, dan tampak bintik merah pada tubuh. Bila penyakit yang diderita sudah parah penderita akan merasa gelisah, ujung tangan dan kaki dingin berkeringat, keluar darah lewat hidung dan muntah darah.

2.10 Penelitian Sebelumnya

Penelitian terkait kasus DBD pernah dilakukan oleh Hidayanti (2015) yang menyebutkan bahwa variabel yang berpengaruh signifikan pada jumlah kasus DBD di kota Surabaya adalah Persentase rumah/bangunan bebas jentik nyamuk *Aedes*, persentase rumah tangga miskin, persentase rumah tangga berperilaku hidup bersih dan sehat (PHBS), kepadatan penduduk, persentase rumah sehat, rasio tenaga medis (dokter umum), persentase rumah tangga yang memiliki tempat sampah sehat, rasio sarana kesehatan puskesmas. Sigarlaki pada tahun 2012 juga melakukan penelitian tentang faktor-faktor yang mempengaruhi jumlah kasus DBD di Serang, Banten. Hasil penelitian tersebut

menunjukkan bahwa faktor pengetahuan merupakan faktor yang berpengaruh signifikan terhadap jumlah kasus DBD.

Penelitian sebelumnya menggunakan metode spasial pernah dilakukan oleh Putri pada tahun 2014 yang melakukan penelitian tentang kasus DBD di Jawa Timur. Hasil penelitian tersebut menunjukkan bahwa terdapat hubungan yang erat antar kabupaten/kota penelitian yang terjangkit DBD di Jawa Timur. Metode *Geographically Geographically Weighted Negative Binomial Regression* pernah digunakan oleh Pratama (2015) untuk mengetahui faktor-faktor yang berpengaruh signifikan terhadap jumlah kasus TBC di kabupaten/kota Jawa Barat.

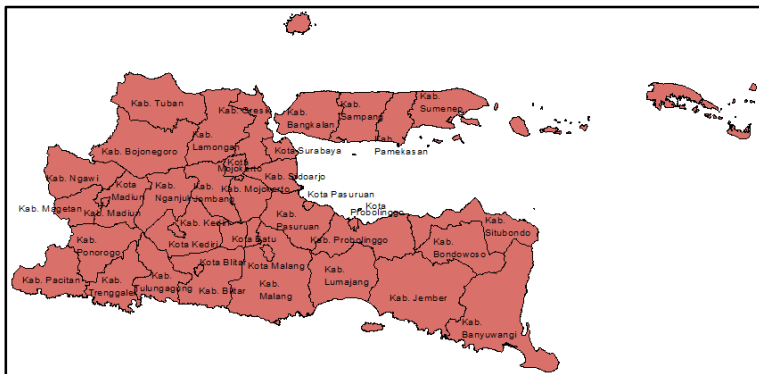
Penelitian menggunakan metode *Flexibly Shaped Spatial Scan Statistic* pernah digunakan oleh Hidayanti (2015) untuk mendeteksi kantong penyakit DBD di Kota Surabaya. Hasil penelitian menunjukkan bahwa terdapat 3 kantong yang memiliki resiko tinggi untuk terkena DBD. Kantong DBD 1 merupakan daerah paling rawan terkena DBD yaitu kecamatan Benowo yang memiliki resiko relatif terkena DBD 2,340 kali lebih besar dibanding kecamatan lain. Kantong DBD 2 merupakan daerah rawan terdiri dari kecamatan Sukomanunggal, Tandes, Sambikerep, Genteng, Tegalsari, Tenggilis Mejoyo, Sawahan, Wonokromo, Karangpilang, Dukuh Pakis, Wiyung, Gayungan, Wonocolo, dan Jambangan yang memiliki resiko relatif terkena DBD 1,688 kali dari kecamatan di luar kantong DBD 2. Kantong DBD 3 merupakan daerah cukup rawan terdiri dari kecamatan Simokerto, Gubeng, Tambaksari, Rungkut, Gunung Anyar, Sukolilo, dan Mulyorejo yang memiliki resiko relatif terkena DBD 1,216 kali dari kecamatan di luar kantong DBD 3.

Oleh karena itu, pada penelitian ini dilakukan pemodelan secara spasial untuk mengetahui faktor yang berpengaruh signifikan pada jumlah kasus DBD di setiap Kabupaten/Kota. Faktor yang dilibatkan adalah faktor lingkungan, perilaku dan pengetahuan masyarakat.

BAB III

3.1 Sumner Data

Data yang digunakan dalam penelitian ini adalah data sekunder yang diperoleh dari Dinas Kesehatan Provinsi Jawa Timur yaitu data yang terpublikasi melalui Profil Kesehatan Jawa Timur Tahun 2014. Unit observasi penelitian sebanyak 38 kabupaten/kota di Provinsi Jawa Timur. Mengingat data yang digunakan adalah data sekunder, diasumsikan bahwa alat ukur (kuesioner) yang digunakan telah tervalidasi dan petugas telah mengisi dengan benar. Data selengkapnya dapat dilihat pada Lampiran 2. Analisis penelitian menggunakan software Minitab 16, ArcView, FleXscan v3.1.2 dan program R.



Gambar 3.1 Provinsi Jawa Timur

3.2 Variabel Penelitian

Varibel penelitian yang digunakan pada penelitian ini terbagi dua yaitu variabel respon (y) atau variabel dependen dan variabel prediktor (x) atau independen dengan unit penelitian setiap Kabupaten/Kota di Jawa Timur tahun 2013. Berikut merupakan variabel yang digunakan.

Tabel 3.1 Variabel Penelitian

Variabel	Keterangan
Y	Jumlah kasus Demam Berdarah <i>Dengue</i> di tiap kabupaten/kota
X ₁	Kepadatan Penduduk
X ₂	Persentase rumah/bangunan bebas jentik nyamuk <i>Aedes</i>
X ₃	Persentase rumah tangga berperilaku hidup bersih dan sehat (PHBS)
X ₄	Persentase rumah sehat
X ₅	Persentase sarana pendidikan yang dibina lingkungan kesehatannya
u_i	Lintang (longitude) kabupaten/kota ke-i
v_i	Bujur (latitude) kabupaten/kota ke-i

1. Kepadatan Penduduk (X₁)
Merupakan hasil bagi dari jumlah penduduk terhadap luas wilayah di tiap kabupaten/kota di Provinsi Jawa Timur dalam satuan (jiwa/km²). Kepadatan penduduk adalah salah satu faktor yang diduga mempengaruhi jumlah kasus DBD di setiap Kabupaten/Kota. Nyamuk *Aedes Aegypti* sangat menyukai tempat yang padat penduduk dan kumuh. Penyakit DBD merupakan penyakit menular, sehingga semakin padat penduduk suatu wilayah maka diduga jumlah kasus DBD akan semakin tinggi.
2. Persentase rumah/bangunan bebas jentik nyamuk *Aedes* (X₂)
Merupakan hasil bagi dari jumlah rumah tangga yang berperilaku hidup bersih dan sehat terhadap jumlah rumah tangga yang dipantau di tiap kabupaten/kota di Provinsi Jawa Timur dikalikan dengan 100%. Rumah/bangunan dikategorikan bebas jentik nyamuk *Aedes* jika tidak ditemukan telur, jentik maupun nyamuk di rumah/bangunan saat pemeriksaan oleh pihak terkait.
3. Persentase rumah tangga berperilaku hidup bersih dan sehat (PHBS) (X₃)

Didapatkan dari jumlah rumah tangga yang melaksanakan beberapa indikator PHBS dibagi dengan rumah tangga yang dipantau. Indikator tersebut adalah menggunakan air bersih, menggunakan jamban sehat dan memberantas jentik di rumah sekali seminggu.

4. Persentase rumah sehat (X_4)

Merupakan hasil bagi antara jumlah rumah kategori sehat dengan jumlah rumah yang dipantau dikalikan 100%. Rumah sehat adalah bangunan rumah tinggal yang memenuhi syarat kesehatan yaitu memiliki jamban sehat, tempat pembuangan sampah, sarana air bersih, sarana pembuangan air limbah, ventilasi baik, kepadatan hunian rumah sesuai dan lantai rumah tidak dari tanah.

5. Persentase sarana pendidikan yang dibina lingkungan kesehatannya (X_5)

Merupakan hasil bagi antara jumlah sekolah baik negeri maupun swasta dari tingkat Sekolah Dasar, Sekolah Menengah Pertama/Sederajat dan Sekolah Menengah Atas/Sederajat yang mendapat pembinaan dari pemerintah setempat dibagi dengan banyak sekolah yang ada di setiap Kabupaten/Kota.

Struktur data pada penelitian ini sesuai variabel dan unit observasi pada Lampiran 1 yang digunakan adalah sebagai berikut.

Tabel 3.2 Struktur Data Penelitian

i	u_i	v_i	y_i	$x_{1,i}$	$x_{2,i}$..	$x_{5,i}$
1	u_1	v_1	y_1	$x_{1,1}$	$x_{2,1}$..	$x_{5,1}$
2	u_2	v_2	y_2	$x_{1,2}$	$x_{2,2}$..	$x_{5,2}$
\vdots	\vdots	\vdots	\vdots	\vdots	\vdots	\vdots	\vdots
38	u_{38}	v_{38}	y_{38}	$x_{1,38}$	$x_{2,38}$..	$x_{5,38}$

3.3 Langkah Analisis Data

Langkah analisis data dalam rangka mencapai tujuan penelitian adalah sebagai berikut.

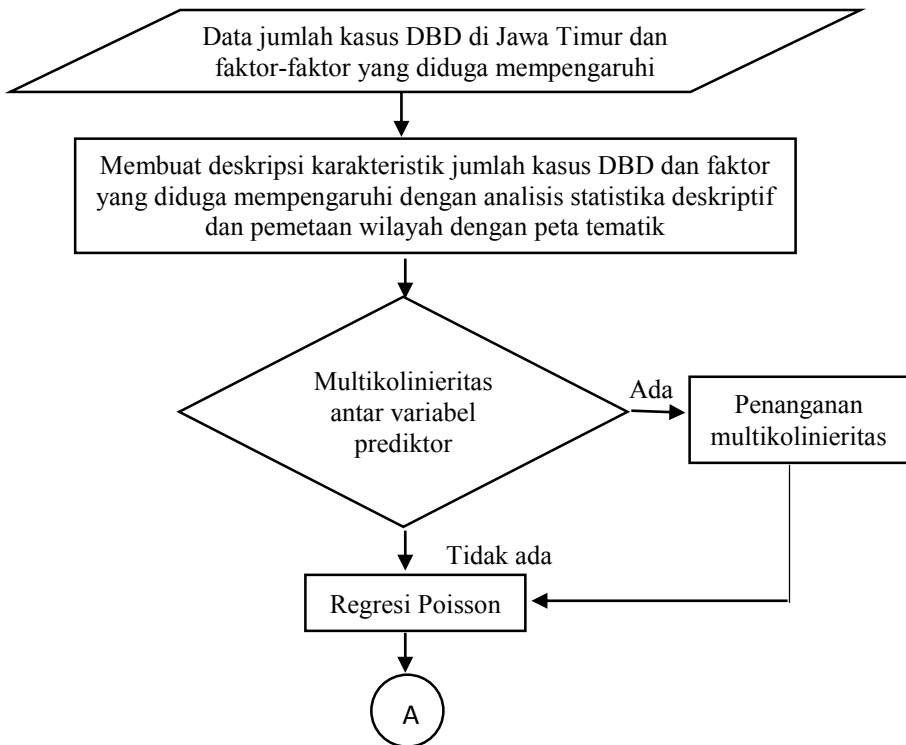
1. Mendeskripsikan karakteristik jumlah kasus DBD dan faktor-faktor yang diduga mempengaruhi di Provinsi Jawa Timur pada tahun 2013 menggunakan pemetaan wilayah untuk masing-masing variabel.
2. Pengujian kasus multikolinieritas berdasarkan kriteria koefisien korelasi dan VIF.
3. Menganalisis model regresi Poisson dengan 3 langkah berikut.
 - a. Penaksiran parameter model regresi Poisson menggunakan metode MLE.
 - b. Menguji signifikansi parameter model regresi Poisson secara serentak dan parsial.
 - c. Melakukan uji dispersi model regresi Poisson.
4. Menganalisis model regresi Binomial Negatif dengan langkah sebagai berikut.
 - a. Penaksiran parameter model Binomial Negatif dengan metode *MLE*.
 - b. Menguji signifikansi parameter model Binomial Negatif secara serentak dan parsial.
5. Melakukan pengujian aspek spasial yakni melakukan uji *Breusch-Pagan* untuk melihat heterogenitas spasial data dan uji Moran I untuk menguji dependensi spasial data.
6. Pemodelan GWNBR untuk kasus DBD di Provinsi Jawa Timur pada tahun 2013, dengan langkah-langkah sebagai berikut.
 - a. Menghitung matrik pembobot dengan menggunakan fungsi kernel *Fixed Gaussian* pada persamaan (2.24). Untuk menghitung matrik pembobot dibutuhkan jarak *Euclidean* antar lokasi pengamatan berdasarkan posisi geografis pada persamaan dan *bandwidth* optimal. Penentuan *bandwidth* optimal untuk setiap lokasi

- pengamatan dengan menggunakan kriteria *Cross Validation (CV)* pada persamaan (2.25).
- b. Melakukan penaksiran parameter model GWNBR dengan metode MLE.
 - c. Melakukan uji persamaan model regresi binomial negatif dengan GWNBR, pengujian signifikansi parameter model GWNBR secara serentak dan parsial.
7. Melakukan pemilihan model terbaik antara model regresi poisson, regresi binomial negative dan GWNBR dengan kriteria AIC pada persamaan (2.28). Selanjutnya dihitung nilai prediksi jumlah kasus DBD per kabupaten/kota (\hat{y}_i) berdasarkan model terbaik yang didapatkan.
 8. Melakukan pendeteksian wilayah kantong DBD pada tingkat kabupaten di Provinsi Jawa Timur dengan pendekatan *Flexibly Shaped Spatial Scan Statistic* adalah sebagai berikut.
 - a. Mengambil data hasil prediksi jumlah DBD per kabupaten (\hat{y}_i) berdasarkan model terbaik, data jumlah kasus DBD sesungguhnya, dan titik koordinat masing-masing kabupaten/kota. Data ini digunakan sebagai input pada pendekatan *Flexibly Shaped Spatial Scan Statistic*.
 - b. Mengidentifikasi kandidat cluster/hotspot dengan algoritma yang ada di metode *Flexibly Shaped Spatial Scan Statistic*.
 - c. Menetapkan maximum number yang digunakan pada metode *Flexibly Shaped Spatial Scan Statistic*.
 - d. Menghitung espektasi jumlah kasus DBD dan jumlah kasus real untuk setiap cluster.
 - e. Menghitung *log likelihood function* dari setiap cluster kemudian menguji signifikansi cluster dengan simulasi Monte Carlo untuk mendapatkan *p-value*.
 - f. Menghitung resiko relatif setiap cluster.
 - g. Membuat peta kantong DBD berdasarkan cluster yang signifikan pada $\alpha = 0,25$.
 - h. Menginterpretasikan hasil.

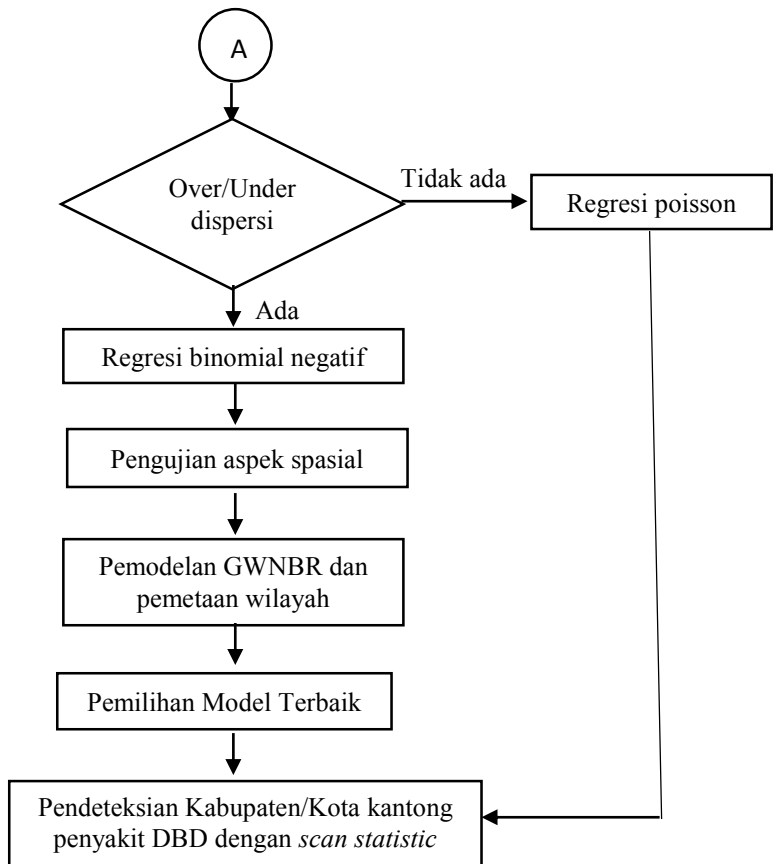
- i. Membuat deskripsi kantong DBD sehingga diperoleh prioritas lokasi pengentasan DBD dan faktor-faktor yang signifikan mempengaruhi.

3.4 Diagram Alir Penelitian

Agar langkah analisis data dapat lebih mudah dipahami maka ditampilkan gambar berikut.



Gambar 3.2 Diagram Alir Penelitian



Gambar 3.2 Diagram Alir Penelitian (Lanjutan)

(halaman ini sengaja dikosongkan)

BAB IV

ANALISIS DAN PEMBAHASAN

Pada bab ini dibahas beberapa hal yang dilakukan untuk menjawab permasalahan dan mencapai tujuan dalam penelitian ini. Hal-hal yang dibahas meliputi deskripsi jumlah kasus DBD yang terjadi di Provinsi Jawa Timur tahun 2013 berdasarkan Kabupaten/Kota beserta faktor-faktor yang diduga mempengaruhinya, deteksi kasus multikolinieritas sebagai asumsi dari analisis regresi Poisson, melakukan pemodelan dengan regresi Poisson dalam rangka mencari hubungan antara faktor-faktor yang berpengaruh terhadap jumlah terjadinya kasus DBD di Jawa Timur tahun 2013, mulai dari penaksiran parameter, uji signifikansi parameter secara serentak dan parsial, hingga menginterpretasikan hasil model regresi Poisson. Kemudian dilakukan deteksi overdispersi pada model regresi Poisson, jika terjadi kasus overdispersi maka dilanjutkan dengan pemodelan menggunakan regresi binomial negatif.

Karena dimungkinkan ada aspek spasial maka selanjutnya dilakukan pengujian aspek spasial yang meliputi uji dependensi spasial dan uji heterogenitas spasial sebagai syarat pemodelan regresi binomial negatif secara spasial atau GWNBR. Selanjutnya dilakukan pemodelan jumlah kasus DBD dan faktor-faktor yang diduga mempengaruhi dengan GWNBR, uji kesamaan model regresi binomial negatif dengan GWNBR, uji signifikansi parameter secara serentak dan uji signifikansi parameter secara parsial. Setelah diperoleh model dari setiap Kabupaten/Kota di Jawa Timur maka dilanjutkan dengan pemetaan Kabupaten/Kota. Berdasarkan faktor-faktor yang berpengaruh dari setiap Kabupaten/Kota maka dapat dilakukan peramalan jumlah kasus DBD. Nilai ramalan tersebut selanjutnya menjadi input pada deteksi kantong-kantong kasus DBD di Jawa Timur dengan pendekatan *Flexibly Shaped Spatial Scan Statistic*.

4.1 Karakteristik Jumlah Kasus Demam Berdarah Dengue dan Faktor-Faktor yang diduga Mempengaruhi

Sebagaimana dijelaskan pada sub bab 3.2 bahwa penelitian ini menggunakan data jumlah kasus DBD yang terjadi di 38 Kabupaten/Kota di Jawa Timur tahun 2013 dengan faktor-faktor yang diduga mempengaruhi (Lampiran 2). Khusus untuk variabel Persentase rumah/bangunan bebas jentik *Aedes* dihitung tanpa melibatkan Kabupaten Pamekasan, dikarenakan data di Kabupaten Pamekasan untuk variabel tersebut tidak tersedia, sehingga khusus untuk variabel Persentase rumah/bangunan bebas jentik *Aedes* dihitung dengan hanya melibatkan 37 Kabupaten/Kota di Jawa Timur. Data yang digunakan tersebut dideskripsikan berdasarkan nilai rata-rata (mean), nilai minimum, nilai maksimum dan koefisien varians untuk mengetahui keragaman data dari setiap variabel yang digunakan dalam penelitian. Karakteristik data berdasarkan nilai-nilai tersebut ditampilkan pada Tabel 4.1 berikut.

Tabel 4.1 Karakteristik Data dari Setiap Variabel Penelitian

Variabel	Mean	Minimum	Maksimum	Koef. Varians
Y	395,6	17	2207	102,82
X ₁	1849	272	8035	113,45
X ₂	87,37	68,08	98,85	8,09
X ₃	45,34	17,14	67,32	32,02
X ₄	38,85	1,02	81,03	60,31
X ₅	79,20	10,66	100	25,20

Berdasarkan Tabel 4.1 di atas, dapat diketahui bahwa data yang memiliki keragaman paling tinggi adalah data pada variabel kepadatan penduduk (jiwa/Km²). Keragaman yang tinggi ini terjadi karena kepadatan penduduk dari setiap Kabupaten/Kota berbeda-beda. Kepadatan penduduk cenderung tinggi di wilayah Kota dibandingkan di wilayah Kabupaten. Di wilayah Kota angka kepadatan penduduk berkisar pada angka ribuan, sementara di wilayah Kabupaten angka kepadatan penduduk berkisar pada angka ratusan meskipun pada beberapa Kabupaten juga terdapat

kepadatan penduduk yang berkisar pada angka ribuan. Rata-rata kepadatan penduduk di Jawa Timur adalah sebesar 1849 jiwa/Km². Kota Surabaya adalah kota dengan kepadatan penduduk tertinggi yakni sebesar 8035 jiwa/Km² sedangkan kepadatan penduduk paling rendah adalah di Kabupaten Banyuwangi yakni sebesar 272 jiwa/Km².

Keragaman data yang tinggi juga ditunjukkan oleh data pada variabel jumlah kasus DBD dari setiap Kabupaten/Kota. Keragaman data jumlah kasus DBD yang tinggi ini terjadi karena terdapat wilayah tertentu yang jumlah kasus DBD nya sangat rendah yakni Kota Mojokerto dengan jumlah kasus DBD hanya 17 kasus sepanjang tahun 2013 sedangkan kondisi yang berbeda terjadi di Kota Surabaya yakni dengan jumlah kasus DBD sebanyak 2.207 kasus pada tahun 2013. Sementara rata-rata jumlah kasus DBD di tiap Kabupaten/Kota adalah sebesar 395,6 kasus.

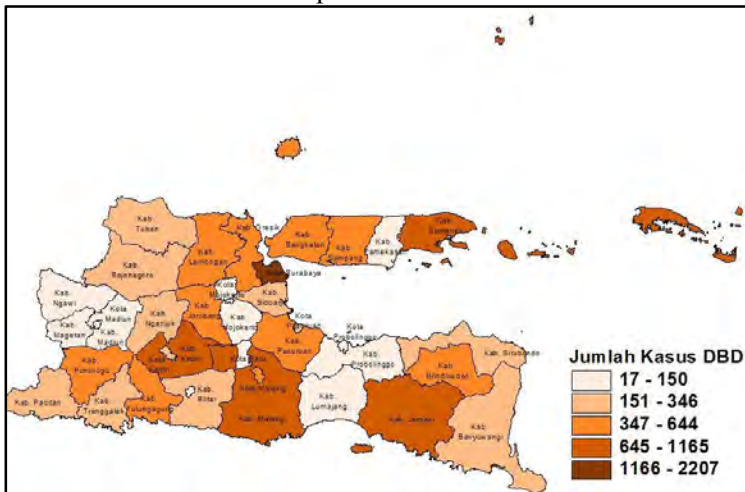
Data dengan karakteristik yang hampir sama di setiap Kabupaten/Kota adalah data Persentase rumah/bangunan bebas jentik Aedes. Hal ini ditunjukkan oleh nilai koefisien varians yang sangat kecil dibandingkan dengan variabel penelitian lainnya yakni sebesar 8.09. Rata-rata Persentase rumah/bangunan bebas jentik adalah sebesar 87,37 persen. Persentase rumah/bangunan bebas jentik Aedes tertinggi berada di Kota Mojokerto yakni sebesar 98,85 persen, sedangkan terendah terjadi di Kabupaten Bangkalan dengan Persentase sebesar 68,08 persen. Karakteristik setiap variabel penelitian secara lengkap ditampilkan pada Tabel 4.1.

Persebaran data berdasarkan Kabupaten/Kota dari setiap variabel penelitian ditampilkan dalam bentuk peta, hal ini dilakukan dengan tujuan agar persebaran data dari setiap variabel dapat diketahui dengan mudah. Persebaran data dibagi pada lima kelompok kategori data yakni kategori sangat tinggi, cukup tinggi, sedang, cukup rendah dan rendah. Setiap kategori ditunjukkan oleh satu warna. Semakin gelap warna yang

ditampilkan menunjukkan bahwa persebaran data variabel tertentu semakin tinggi.

4.1.1 Jumlah Kasus Demam Berdarah *Dengue*

Penyakit DBD adalah salah satu penyakit yang berpotensi untuk menjadi Kejadian Luar Biasa (KLB). Pada tahun 2013, KLB DBD di Jawa Timur terjadi pada 16 kabupaten/kota. Hal ini menunjukkan bahwa KLB terjadi melebihi target yakni sebanyak 5 kabupaten/kota. 16 kabupaten/kota tersebut memiliki angka kematian yang juga melebihi target yakni lebih dari 1 persen dari target sebesar maksimal 1 persen. KLB yang tinggi menunjukkan bahwa jumlah kasus DBD juga tinggi. Persebaran jumlah kasus DBD di Jawa Timur ditampilkan berikut.



Gambar 4.1 Persebaran Jumlah Kasus DBD di Jawa Timur (Y)

Gambar 4.1 di atas menunjukkan persebaran jumlah kasus DBD di setiap Kabupaten/Kota. Warna orange yang semakin gelap menunjukkan persebaran jumlah kasus DBD yang semakin tinggi. Jumlah kasus DBD dengan kategori sangat tinggi terdapat di Kota Surabaya yang ditunjukkan oleh warna orange yang paling gelap yakni dengan jumlah kasus berada di interval 1166-2207 kasus. Hal ini sesuai dengan penjabaran karakteristik data

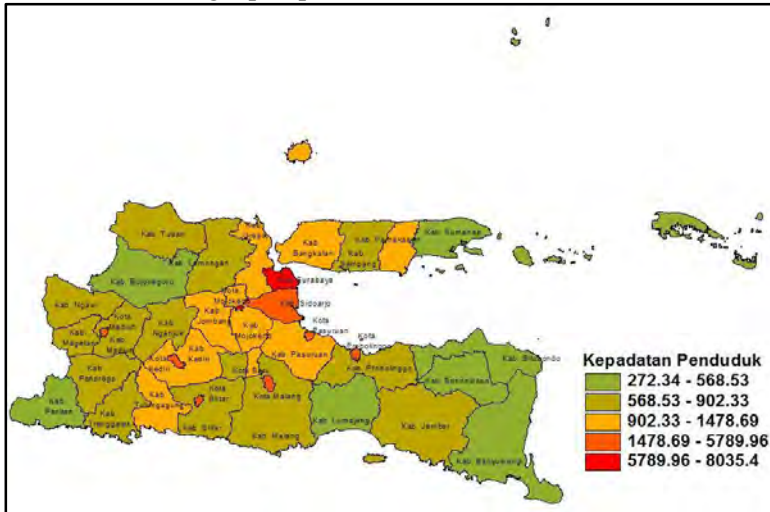
pada Tabel 1 yang telah dijelaskan sebelumnya bahwa jumlah kasus DBD tertinggi terjadi di Kota Surabaya dengan jumlah kasus 2207 kasus. Selanjutnya, untuk kategori jumlah kasus DBD cukup tinggi terdiri dari 4 Kabupaten/Kota yakni Kabupaten Jember, Kabupaten Malang, Kabupaten Kediri dan Kabupaten Sumenep dengan jumlah kasus DBD berada pada interval 645 hingga 1165 kasus. Jumlah kasus DBD dengan kategori sedang yakni terletak pada interval 347 hingga 644 kasus terjadi pada 10 Kabupaten/Kota yakni Kabupaten Sampang, Bangkalan, Gresik, Lamongan, Jombang, Pasuruan, Bondowoso, Tulungagung, Ponorogo dan Kota Batu. Sepuluh Kabupaten termasuk pada kategori jumlah kasus DBD cukup rendah yakni Kabupaten Tuban, Bojonegoro, Nganjuk, Pacitan, Trenggalek, Blitar, Sidoarjo, Situbondo, Banyuwangi dan Kota Pasuruan. Sebelas Kabupaten/Kota yang belum disebutkan termasuk pada kategori sangat rendah untuk jumlah kasus DBD.

4.1.2 Kepadatan Penduduk

Kepadatan penduduk adalah salah satu faktor yang diduga mempengaruhi jumlah kasus DBD di setiap Kabupaten/Kota. Nyamuk *Aedes Aegypti* sangat menyukai tempat yang padat penduduk dan kumuh. Penyakit DBD merupakan penyakit menular, sehingga semakin padat penduduk suatu wilayah maka diduga jumlah kasus DBD akan semakin tinggi. Persebaran kepadatan penduduk di Jawa Timur ditampilkan pada Gambar 4.2.

Gambar 4.2 menunjukkan bahwa Kabupaten/Kota dengan kepadatan penduduk yang sangat tinggi adalah Kota Surabaya dan Kota Mojokerto yakni kepadatan penduduk yang terletak pada 5.789,96 (jiwa/Km²) hingga 8.035,4 (jiwa/Km²). Kepadatan penduduk cukup tinggi terletak pada enam kota dan satu kabupaten yakni kota Madiun, Kediri, Blitar, Malang, Probolinggo, Pasuruan dan kabupaten Sidoarjo. Sementara Kabupaten/Kota dengan kepadatan penduduk sangat rendah ada pada tujuh kabupaten yakni kabupaten Bojonegoro, Pacitan,

Lumajang, Banyuwangi, Bondowoso, Situbondo dan Sumenep. Kabupaten/Kota yang masuk pada kategori sedang dan cukup rendah secara lengkap dapat dilihat di Gambar 4.2.

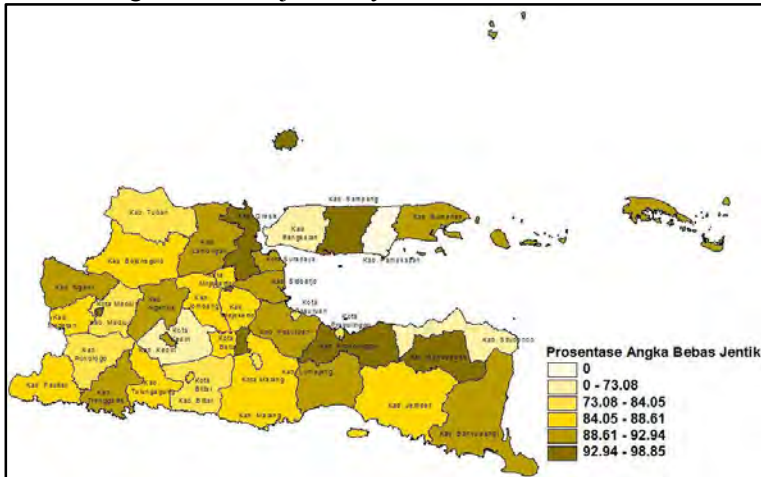


Gambar 4.2 Persebaran Kepadatan Penduduk di Jawa Timur (X₁)

4.1.3 Persentase Rumah/Bangunan Bebas Jentik Nyamuk *Aedes*

Salah satu faktor yang diduga mempengaruhi jumlah kasus DBD selain kepadatan penduduk adalah Persentase rumah/bangunan bebas jentik nyamuk *Aedes*. DBD merupakan penyakit menular yang disebabkan oleh gigitan nyamuk *Aedes Aegypti*. Menurut KemenKes RI setiap rumah harus melakukan 3M plus, yaitu pertama menguras bak mandi, ember air, tempat penampungan air minum, penampungan air lemari es, dan lain-lain, kedua menutup rapat-rapat tempat-tempat penampungan air seperti drum, kendi, toren air, dan ketiga memanfaatkan atau mendaur ulang barang bekas yang memiliki potensi untuk jadi tempat perkembangbiakan nyamuk. Adapun yang dimaksud Plus adalah segala sesuatu bentuk kegiatan pencegahan seperti menaburkan larvasida, menggunakan anti nyamuk, menanam

tanaman pengusir nyamuk, mengatur cahaya dan ventilasi rumah, dan sebagainya. Kegiatan pencegahan yang telah dilakukan tersebut diharapkan dapat mencegah tumbuhnya jentik nyamuk *Aedes Aegypti*. Berikut ini adalah peta persebaran persentase rumah/bangunan bebas jentik nyamuk Aedes.

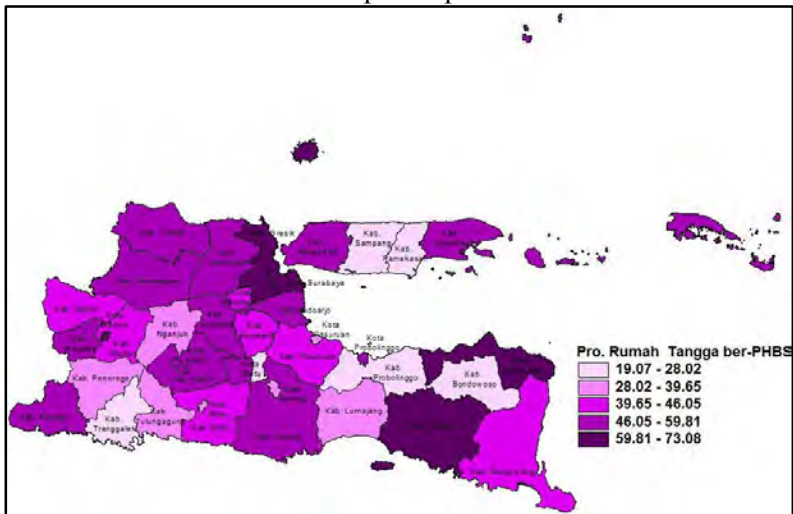


Gambar 4.3 Persebaran Persentase Rumah/Bangunan Bebas Jentik Aedes di Jawa Timur (X₂)

Berdasarkan Gambar 4.3 di atas dapat diketahui bahwa Persentase rumah/bangunan bebas jentik aedes sangat tinggi terjadi di tujuh kabupaten//kota yakni kabupaten Sampang, Gresik, Probolinggo, Bondowoso, Kota Batu, Kota Mojokerto dan Kota Madiun. Terdapat satu kabupaten yang data Persentase rumah/bangunan bebas jentik aedes tidak terekam oleh dinas kesehatan provinsi Jawa Timur yakni kabupaten Pamekasan. Sementara itu, kabupaten Bangkalan dan kabupaten Kediri adalah kabupaten dengan Persentase rumah/bangunan bebas jentik aedes kategori sangat rendah yakni dengan Persentase tertinggi sebesar 73,08 persen. Untuk kabupaten/kota yang belum disebutkan masuk pada kategori cukup tinggi, sedang dan cukup rendah sesuai pada peta yang ditampilkan pada Gambar 4.3.

4.1.4 Persentase Rumah Tangga Berperilaku Hidup Bersih dan Sehat

Salah satu faktor yang diduga berperan penting dalam menentukan derajat kesehatan adalah perilaku masyarakat. Penerapan perilaku hidup bersih dan sehat harus dimulai dari unit terkecil masyarakat yaitu rumah tangga. Rumah tangga yang berperilaku hidup bersih dan sehat dapat mengurangi resiko terkena penyakit DBD. Semakin tinggi perbandingan antara banyak rumah tangga yang berperilaku hidup bersih dan sehat dibandingkan dengan yang tidak berperilaku hidup bersih dan sehat diharapkan dapat menurunkan angka kejadian DBD. Persebaran Persentase rumah tangga yang berperilaku hidup bersih dan sehat di Jawa Timur ditampilkan pada Gambar 4.4 berikut.



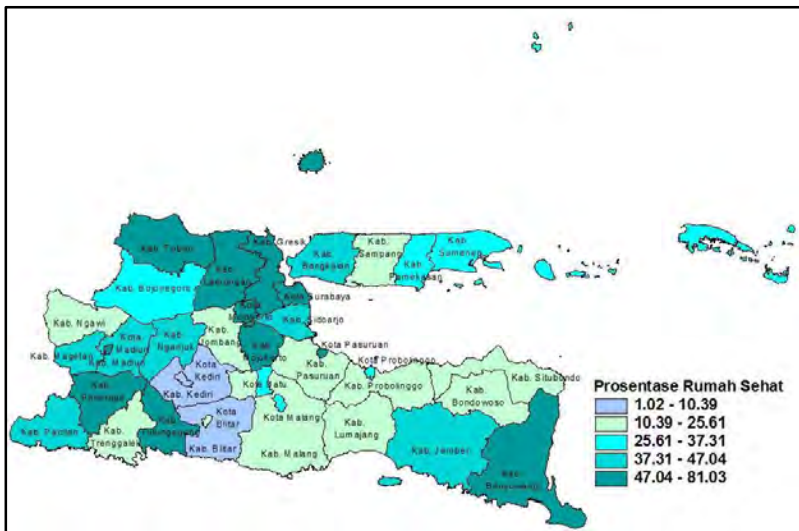
Gambar 4.4 Persebaran Persentase Rumah Tangga Ber-PHBS di Jawa Timur (X₃)

Gambar 4.4 menunjukkan persebaran Persentase rumah tangga yang berperilaku hidup bersih dan sehat di Jawa Timur didominasi oleh kelompok kabupaten/kota kategori cukup tinggi yakni kabupaten/kota dengan Persentase 46,05 hingga 59,81 persen. Kelompok tersebut terdiri dari 14 kabupaten yang

ditunjukkan oleh warna ungu tua urutan kedua dari yang tertua. Untuk kategori lainnya dan nama kabupaten dengan kategori tertentu dapat dilihat pada Gambar 4.4 di atas.

4.1.5 Persentase Rumah Sehat

Faktor selanjutnya yang diduga mempengaruhi jumlah kasus DBD di Jawa Timur adalah Persentase rumah sehat. Rumah sehat adalah bangunan rumah tinggal yang memenuhi syarat kesehatan, yaitu rumah yang memiliki jamban yang sehat, sarana air bersih, tempat pembuangan sampah, sarana pembuangan air limbah, ventilasi rumah yang baik, kepadatan hunian rumah yang sesuai dan lantai rumah yang tidak terbuat dari tanah. Rumah yang tidak memenuhi syarat kesehatan merupakan faktor risiko sumber penularan berbagai jenis penyakit khususnya penyakit menular. Persebaran Persentase rumah sehat di Jawa Timur ditampilkan pada Gambar 4.5.



Gambar 4.5 Persebaran Persentase Rumah Sehat di Jawa Timur (X4)

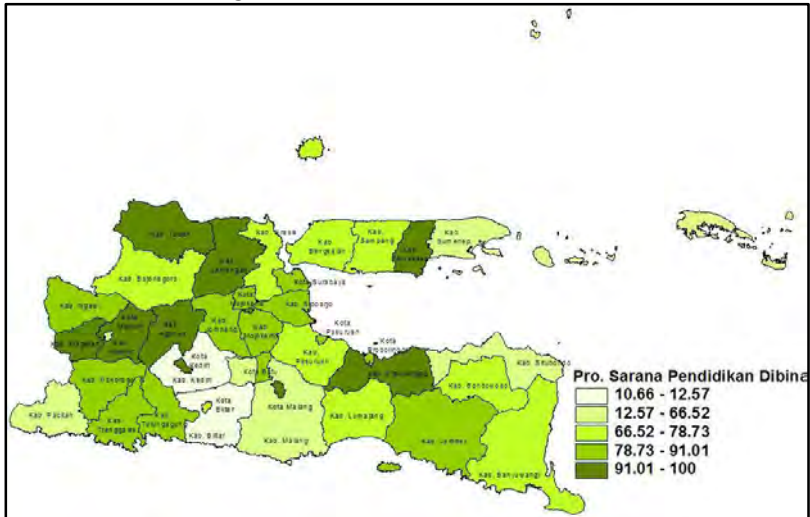
Berdasarkan Peta persebaran Persentase rumah sehat berdasarkan kabupaten/kota di Jawa Timur pada Gambar 4.5 dapat diketahui bahwa mayoritas kabupaten/kota tergolong pada kelom-pok cukup rendah dan sangat tinggi dengan masing-masing terdiri dari 11 kabupaten/kota. Untuk kategori cukup rendah antara lain adalah kabupaten Ngawi, Sampang, Jombang, Situbondo dan seterusnya dengan Persentase rumah sehat sebesar 10,39 hingga 25,61 persen. Sementara untuk kategori sangat tinggi antara lain Kabupaten Tuban, Gresik, Lamongan, Mojokerto, dan seterusnya dengan Persentase 47,04 hingga 81,03 persen.

4.1.6 Persentase Sarana Pendidikan yang Dibina Lingkungan Kesehatannya

Faktor yang diduga berpengaruh pada jumlah kasus DBD selanjutnya adalah Persentase sarana pendidikan yang dibina lingkungan kesehatannya. Penularan penyakit DBD tidak hanya dapat terjadi pada lingkungan rumah tangga saja, namun juga pada lingkungan yang memungkinkan interaksi antar beberapa orang salah satunya yakni di sarana pendidikan. Sarana pendidikan yang dimaksud adalah Sekolah Dasar (SD) se –derajat hingga Sekolah Menengah Atas (SMA) se-derajat baik negeri maupun swasta di kabupaten/kota yang diamati. Persebaran Persentase kabupa-ten/kota yang dibina lingkungan kesehatannya ditampilkan pada Gambar 4.6.

Gambar 4.6 menunjukkan bahwa kabupaten/kota yang lokasinya saling berdekatan belum tentu memiliki karakteristik yang sama dalam hal Persentase sarana pendidikan yang dibina lingkungan kesehatannya. Peta persebaran Persentase sarana kesehatan yang dibina lingkungan kesehatannya di atas menunjukkan bahwa terdapat kabupetan/kota yang memiliki Persentase yang sangat rendah yakni antara 10,66 hingga 12,57 persen. Kabupaten tersebut adalah Blitar dan Kediri. Sementara kabupaten yang masuk pada kategori sangat tinggi terdiri dari 10 kabupaten/kota yang ditunjukkan oleh warna hijau tua yakni

Persentase pada interval 91,01 hingga 100 persen. Kabupaten tersebut antara lain adalah kabupaten Tuban, Lamongan, Pamekasan dan Magetan.



Gambar 4.6 Persebaran Persentase Sarana Pendidikan dibina Lingkungan Kesehatannya di Jawa Timur (X4)

4.2 Pemodelan Jumlah Kasus DBD di Jawa Timur Tahun 2013

Jumlah kasus DBD merupakan data *count* sehingga pembentukan model yang menunjukkan seberapa besar pengaruh adanya faktor-faktor yang mempengaruhi jumlah kasus DBD terhadap jumlah kasus DBD menggunakan regresi poisson. Pada kasus ini diduga terjadi kasus overdispersi dan spasial sehingga metode yang cocok digunakan adalah *Geographically weighted negative binomial regression*. Software yang digunakan dalam pemodelan adalah software R. Data yang digunakan untuk pemodelan adalah data yang hanya melibatkan 37 Kabupaten/Kota di Jawa Timur dikarenakan terdapat data yang tidak tersedia untuk satu kabupaten yakni Kabupaten Pamekasan.

4.2.1 Deteksi Kasus Multikolinieritas

Sebelum melakukan analisis menggunakan metode Regresi Poisson, Regresi Binomial Negatif, dan *Geographically Weighted Negative Binomial Regression* (GWNBR) maka dilakukan pengujian multikolinieritas terhadap data yang digunakan untuk mengetahui ada tidaknya korelasi yang tinggi antar variabel prediktor. Ada beberapa cara untuk mendeteksi adanya kasus multikolinieritas, yaitu dengan melihat koefisien korelasi Pearson (r_{ij}) dan nilai VIF (*Variance Inflation Factor*). Berikut ini merupa-kan koefisien korelasi antara variabel prediktor.

Tabel 4.2 Koefisien Korelasi antar Variabel Prediktor

	X ₁	X ₂	X ₃	X ₄
X ₂	0,184			
X ₃	0,285	-0,080		
X ₄	0,374	0,123	0,395	
X ₅	0,201	0,409	-0,064	0,430

Jika koefisien korelasi Pearson (r_{ij}) antar variabel prediktor lebih dari 0,95 maka diduga terdapat kasus multikolinieritas. Berdasarkan Tabel 4.2 dapat diketahui bahwa semua variabel prediktor memiliki koefisien korelasi Pearson yang kurang dari 0,95 yang artinya tidak terdapat kasus multikolinieritas. Untuk lebih meyakinkan bahwa tidak terdapat kasus multikolinieritas maka juga dilakukan deteksi dengan niali VIF. Jika nilai VIF lebih dari 10 maka dapat disimpulkan terdapat kasus multikolinieritas. Nilai VIF secara lengkap ditampilkan pada Tabel 4.3 berikut.

Tabel 4.3 VIF dari Variabel Prediktor

Variabel Prediktor	VIF
X ₁	1,234
X ₂	1,236
X ₃	1,337
X ₄	1,658
X ₅	1,555

Berdasarkan Tabel 4.3 menunjukkan nilai VIF dari masing-masing variabel prediktor memiliki nilai yang kurang dari 10, sehingga dapat disimpulkan bahwa tidak terdapat kasus multikolinieritas. Sehingga dapat dilanjutkan ke pemodelan regresi Poisson dan Binomial Negatif.

4.2.2 Pemodelan Regresi Poisson

Setelah dilakukan pemeriksaan kasus multikolinieritas antara variabel prediktor dan diperoleh hasil bahwa tidak terdapat kasus multikolinieritas, maka dapat dilanjutkan pada pemodelan regresi Poisson. Estimasi parameter model regresi Poisson ditampilkan pada tabel berikut.

Tabel 4.4 Estimasi Parameter Model Regresi Poisson

	<i>Estimate</i>	<i>Std.Error</i>	<i>Z Value</i>	<i>P Value</i>
<i>(Intercept)</i>	5,815	0,1079	53,899	<2x10 ⁻¹⁶ *
X ₁	6,064x10 ⁻⁵	4,044 x10 ⁻⁶	14,996	<2x10 ⁻¹⁶ *
X ₂	-0,005211	1,288 x10 ⁻³	-4,045	5,24x10 ⁻⁵ *
X ₃	0,02372	7,632 x10 ⁻⁴	31,079	<2x10 ⁻¹⁶ *
X ₄	-0,001271	4,500 x10 ⁻⁴	-2,824	0.00474*
X ₅	-0,007571	4,582 x10 ⁻⁴	-16,522	<2x10 ⁻¹⁶ *
Deviance : 8.757,8			DF : 31	
AIC : 9.044,8				

*) signifikan dengan taraf nyata 25%

Pengujian serentak signifikansi parameter model regresi Poisson bertujuan untuk mengetahui apakah secara serentak variabel prediktor memberikan pengaruh terhadap variabel respon. Hipotesis yang digunakan adalah sebagai berikut.

$$H_0 : \beta_1 = \beta_2 = \dots = \beta_5 = 0$$

$$H_1 : \text{paling sedikit ada satu } \beta_j \neq 0 ; j = 1, 2, \dots, 5$$

Berdasarkan hasil pengujian serentak dengan taraf signifikansi 25% didapatkan $\chi^2_{(5,0,25)}$ sebesar 6,62568. Nilai ini lebih kecil dibandingkan nilai devians yakni sebesar 8.757,8 ,

sehingga dapat diputuskan tolak H_0 yang berarti bahwa paling sedikit ada satu variabel prediktor yang berpengaruh signifikan terhadap variabel respon pada selang kepercayaan 75 %. Oleh karena itu, perlu dilanjutkan pada pengujian secara parsial dengan hipotesis sebagai berikut.

$H_0 : \beta_j = 0$ (variabel ke-j tidak signifikan)

$H_1 : \beta_j \neq 0$ (variabel ke-j signifikan)

Z Value untuk masing-masing variabel prediktor dapat dilihat pada Tabel 4.4. Pada taraf signifikansi 25% didapatkan $Z_{(0.25/2)}$ sebesar 1,15. Nilai ini dibandingkan dengan Z Value untuk masing-masing variabel prediktor. Hasil perbandingan menunjukkan bahwa semua Z Value dari masing-masing variabel prediktor lebih dari 1,15 sehingga diputuskan tolak H_0 yang berarti bahwa semua variabel prediktor pada model regresi poisson secara individu berpengaruh signifikan terhadap jumlah kasus DBD di Jawa Timur. Model Regresi poisson yang dihasilkan adalah sebagai berikut.

$$\ln(\hat{\mu}) = 5,815 + 6,064 \times 10^{-5} X_1 - 0,005211 X_2 + 0,02372 X_3 - 0,001271 X_4 - 0,007571 X_5$$

4.2.3 Pemeriksaan Overdispersi

Regresi Poisson memiliki ciri bahwa nilai mean sama dengan varians yang disebut *equidispersion*. Equidispersi ditunjukkan oleh koefisien dispersi yang bernilai 1. Pada kasus jumlah kasus DBD terjadi kasus overdispersi yang ditunjukkan oleh besarnya koefisien dispersi lebih dari 1. Untuk mendeteksi keberadaan *overdispersion* adalah nilai *deviance* pada model regresi Poisson dibagi dengan derajat bebasnya. Nilai deviance model regresi Poisson sebesar 8.757,8 dengan derajat bebas 31 sehingga rasio nilai devians dengan derajat bebasnya bernilai 282,5096. Nilai tersebut lebih besar dari angka 1 yang artinya data jumlah kasus DBD mengalami kasus *overdispersion*. Regresi Poisson tidak sesuai untuk kasus overdispersi karena akan menghasilkan estimasi parameter yang bias dan tidak efisien.

Distribusi yang sering digunakan untuk kasus *overdispersion* adalah Binomial Negatif. Langkah awal dalam pemodelan regresi Binomial Negatif adalah penentuan nilai initial θ yang bertujuan untuk meminimumkan parameter dispersi sehingga dapat menga-tasi kasus *overdispersi*. Initial θ didapatkan melalui hasil *trial-error* sehingga didapatkan rasio nilai devians dengan derajat bebasnya bernilai 1 yang artinya tidak terdapat kasus *overdispersi*. Berikut ini hasil *trial-error* initial θ .

Tabel 4.5 Nilai Initial θ

Initial θ	Deviance	DF	Deviance/DF
2	49,682	31	1,602
1,5	37,354	31	1,2049
1,2	29,928	31	0,965
1,244	31,018	31	1,0005
1,24327	31	31	1

Berdasarkan hasil *trial-error* initial θ didapatkan initial θ yang memiliki rasio nilai devians dengan derajat bebasnya bernilai 1 adalah sebesar 1,24327 sehingga dilakukan pemodelan regresi Binomial Negatif dengan initial θ sebesar 1,24327.

4.2.4 Pemodelan Regresi Binomial Negatif

Setelah didapatkan initial θ maka dilakukan pemodelan regresi Binomial Negatif. Estimasi parameter model regresi Binomial Negatif ditampilkan pada Tabel 4.6.

Pengujian serentak signifikansi parameter model regresi Binomial Negatif bertujuan untuk mengetahui apakah secara serentak variabel prediktor memberikan pengaruh terhadap variabel respon. Hipotesis yang digunakan adalah sebagai berikut.

$$H_0 : \beta_1 = \beta_2 = \dots = \beta_5 = 0$$

$$H_1 : \text{paling sedikit ada satu } \beta_j \neq 0 ; j = 1, 2, \dots, 5$$

Berdasarkan hasil pengujian dengan taraf signifikansi 25% didapatkan $\chi^2_{(5,0,25)}$ sebesar 6,62568. Nilai ini lebih kecil dibandingkan nilai devians yakni sebesar 31, sehingga dapat diputuskan tolak H_0 yang berarti bahwa paling sedikit ada satu

variabel prediktor yang berpengaruh signifikan terhadap variabel respon pada selang kepercayaan 75 %. Oleh karena itu, perlu dilanjutkan pada pengujian secara parsial dengan hipotesis sebagai berikut.

$H_0 : \beta_j = 0$ (variabel ke-j tidak signifikan)

$H_1 : \beta_j \neq 0$ (variabel ke-j signifikan)

Tabel 4.6 Estimasi Parameter Model Regresi Binomial Negatif

	<i>Estimate</i>	<i>Std.Error</i>	<i>Z Value</i>	<i>P Value</i>
<i>(Intercept)</i>	5,985	1,806	3,314	0,00235*
X ₁	3,612x10 ⁻⁵	7,024 x10 ⁻⁵	0,514	0,61076
X ₂	-2,788x10 ⁻⁴	0,0211	-0,013	0,98954
X ₃	0,01689	0,01098	1,539	0,13407*
X ₄	-1,420x10 ⁻⁴	0,00729	-0,019	0,98459
X ₅	-0,01099	0,008325	-1,320	0,19665*
Deviance : 31			DF : 31	
AIC : 522,12				

*) signifikan dengan taraf nyata 25%

Z Value untuk masing-masing variabel prediktor dapat dilihat pada Tabel 4.6. Pada taraf signifikansi 25% didapatkan $Z_{(0.25/2)}$ sebesar 1,15. Nilai ini dibandingkan dengan *Z Value* untuk masing-masing variabel prediktor. Hasil perbandingan menunjukkan bahwa tidak semua *Z Value* lebih besar dari 1,15. *Z Value* yang nilainya lebih dari 1,44 adalah *Z Value* pada variabel X_3 dengan nilai sebesar 1,539 dan *Z Value* pada variabel X_5 yang berarti bahwa variabel X_3 dan X_5 pada model regresi Binomial Negatif berpengaruh signifikan terhadap jumlah kasus DBD di Jawa Timur. Sementara variabel lainnya tidak berpengaruh signifikan terhadap jumlah kasus DBD dikarenakan *Z Value* lebih kecil dari 1,15. Model Regresi Binomial Negatif yang dihasilkan adalah sebagai berikut.

$$\ln(\hat{\mu}) = 5,985 + 3,612 \times 10^{-5} X_1 - 2,788 \times 10^{-4} X_2 + 0,01689 X_3 - 1,420 \times 10^{-4} X_4 - 0,01099 X_5$$

Berdasarkan nilai AIC dan nilai devians yang dihasilkan dari model regresi Poisson dan model regresi Binomial Negatif dapat diketahui bahwa nilai AIC dan nilai devians model regresi Binomial Negatif lebih kecil dibandingkan pada model regresi Poisson yakni nilai AIC sebesar 522,12 lebih kecil dari 9.044,8 dan nilai devians sebesar 31 lebih kecil dari 8.757,8. Hal ini menunjukkan bahwa model regresi Binomial Negatif lebih baik dibandingkan model regresi Poisson.

4.2.5 Pengujian Aspek Spasial

Penyakit DBD adalah penyakit menular yang ditularkan oleh gigitan nyamuk *Aedes Aegypti*. Seseorang yang hidup di wilayah yang sama dengan penderita DBD memiliki resiko lebih tinggi untuk tertular DBD dibandingkan yang hidup di wilayah yang berbeda. Selain itu, perbedaan karakteristik satu wilayah dengan wilayah lainnya seperti kemudahan akses layanan kesehatan yang berbeda-beda antara wilayah satu dengan wilayah lainnya menimbulkan dugaan bahwa terdapat pengaruh lokasi geografis suatu wilayah tertentu terhadap peningkatan jumlah kasus DBD di Provinsi Jawa Timur. Adanya perbedaan karakteristik antara satu titik pengamatan dengan titik pengamatan lainnya dapat dilihat dengan pengujian *Breusch-Pagan* dengan hipotesis sebagai berikut.

$$H_0 = \sigma_1^2 = \sigma_2^2 = \dots = \sigma_{37}^2 \text{ (varians antarlokasi sama)}$$

$$H_1: \text{minimal ada satu } \sigma_i^2 \neq \sigma^2 \text{ (varians antarlokasi berbeda)}$$

Berdasarkan hasil pengujian diperoleh nilai statistik uji *Breusch-Pagan* sebesar 13,983 dengan *p-value* 0,01572. Dengan jumlah parameter 5 dan digunakan α sebesar 25% maka didapatkan $\chi_{(5;0,25)}^2$ sebesar 6,62568. Sehingga berdasarkan kedua kriteria (*p-value* dan nilai statistik uji *Breusch-Pagan*) didapatkan kesimpulan bahwa variansi antarlokasi tidak sama atau terdapat

perbedaan karakteristik antara satu titik pengamatan dengan titik pengamatan lainnya.

Dependensi spasial menunjukkan bahwa pengamatan di suatu lokasi bergantung pada pengamatan di lokasi lain yang letaknya berdekatan. Pengujian dependensi spasial dapat dilakukan dengan Moran's I, dengan hipotesis sebagai berikut.

$$H_0 : I = 0 \quad (\text{tidak terdapat dependensi spasial})$$

$$H_1 : I \neq 0 \quad (\text{terdapat dependensi spasial})$$

Matriks pembobot yang digunakan adalah matrik pembobot terstandarisasi (*Standardize Contiguity Matrix*) sesuai pada Lampiran 10. Matriks ini dibentuk dengan hubungan ketetanggaan *rook contiguity*, dimana daerah yang sisi-sisinya saling bersinggungan diberi nilai 1 sedangkan yang tidak bersinggungan diberi nilai 0. Hasil perhitungan statistik uji diperoleh bahwa nilai Z_1 adalah sebesar 0,1977091. Nilai ini lebih kecil dibandingkan nilai $Z_{(0.25/2)}$ yakni sebesar 1,15, sehingga dapat diputuskan gagal tolak H_0 yang berarti bahwa tidak ada dependensi spasial. Tidak adanya dependensi spasial yang dimaksud adalah bahwa pengamatan suatu lokasi tidak bergantung pada pengamatan di lokasi lain yang letaknya berdekatan.

Berdasarkan kesimpulan pengujian heterogenitas spasial yang menyatakan terdapat perbedaan karakteristik antara satu titik pengamatan dengan titik pengamatan lainnya dan hasil pengujian dependensi spasial yang menyatakan pengamatan suatu lokasi tidak bergantung pada pengamatan di lokasi lain yang letaknya berdekatan maka analisis dapat dilanjutkan dengan pemodelan menggunakan metode GWNBR.

4.2.6 Pemodelan Jumlah Kasus DBD di Jawa Timur Tahun 2013 dengan Metode GWNBR

Pemodelan GWNBR dilakukan dengan menambahkan pembobotan spasial. Pada penelitian ini pembobot yang digunakan adalah fungsi kernel *fix Gaussian* karena menghasilkan

Cross-Validation minimum dibanding fungsi kernel lainnya. Hasil perhitungan *Bandwidth* dan *CV* secara lengkap ditampilkan pada Lampiran 13. Sebelum dilakukan pembentukan matriks pembobot maka perlu dicari jarak antar kabupaten/kota terlebih dahulu (Lampiran 14). Setelah didapatkan jarak antar kabupaten/kota maka dapat dibentuk matriks pembobot untuk penaksiran parameter model GWNBR jumlah kasus DBD kabupaten/kota di Jawa Timur dengan cara memasukkan *bandwidth* dan jarak ke dalam fungsi kernel. Matriks pembobot dapat dilihat pada Lampiran 15.

Pemodelan jumlah kasus DBD menggunakan metode GWNBR diharapkan memiliki hasil yang lebih baik daripada menggunakan metode regresi Binomial Negatif sehingga dilakukan pengujian kesamaan model GWNBR dan regresi Binomial Negatif dengan hipotesis sebagai berikut.

$$H_0 : \beta_j(u_i, v_i) = \beta_j ; i=1,2,\dots,37 ; j=1,2,\dots,5$$

$$H_1 : \beta_j(u_i, v_i) \neq \beta_j$$

Berdasarkan hasil perhitungan didapatkan nilai F_{hit} sebesar 0,9202828. Dengan menggunakan taraf nyata 25% didapatkan $F_{(0.25,31,31)}$ sebesar 1,27704 yang artinya bahwa tidak terdapat perbedaan yang signifikan antara model Binomial Negatif dengan model GWNBR. Namun dalam penelitian ini dipilih model GWNBR sehingga dilanjutkan untuk pengujian parameter.

Pengujian signifikansi parameter model GWNBR terdiri dari uji serentak dan parsial. Pengujian signifikansi model GWNBR secara serentak bertujuan untuk mengetahui apakah secara serentak variabel prediktor memberikan pengaruh terhadap model. Hipotesis yang digunakan adalah sebagai berikut.

$$H_0 : \beta_1(u_i, v_i) = \beta_2(u_i, v_i) = \dots = \beta_5(u_i, v_i) = 0$$

$$H_1 : \text{paling sedikit ada satu } \beta_j(u_i, v_i) \neq 0 ; j = 1,2,\dots,5$$

Berdasarkan hasil perhitungan didapatkan nilai devians model GWNBR sebesar 33,6853. Dengan taraf nyata 25% didapatkan $\chi^2_{(0.25,5)}$ sebesar 6,62568 yang artinya bahwa paling

tidak ada satu parameter model GWNBR yang signifikan berpengaruh maka perlu dilanjutkan dengan pengujian parsial dengan hipotesis sebagai berikut.

$$H_0 : \beta_j(u_i, v_i) = 0 ; i=1,2,\dots,37 ; j=1,2,\dots,5$$

$$H_1 : \beta_j(u_i, v_i) \neq 0$$

Berdasarkan hasil pengujian signifikansi parameter dengan *software* R, diperoleh parameter yang signifikan berbeda-beda untuk tiap kabupaten/kota. Hasil estimasi dan nilai Z parameter *Geographically Weighted Negative Binomial Regression* dapat dilihat pada Lampiran 17 dan 18. Nilai $|Z_{hit}|$ parameter setiap kabupaten/kota dibandingkan dengan nilai $Z_{0,25/2}$. Jika nilai $|Z_{hit}| > 1,15$ maka Tolak H_0 , yang artinya variabel tersebut memberikan pengaruh pada model. Parameter yang signifikan di setiap Kabupaten/Kota dapat dilihat pada Tabel 4.7 sebagai berikut.

Tabel 4.7 Pengelompokan Kabupaten Berdasarkan Variabel yang Signifikan dalam Model GWNBR

	Kabupaten/Kota	Variabel Yang Signifikan
1	Kab. Pacitan	-
2	Kab. Ponorogo	X_3
3	Kab. Trenggalek	-
4	Kab. Tulungagung	-
5	Kab. Blitar	X_3
6	Kab. Kediri	X_3
7	Kab. Malang	X_3
8	Kab. Lumajang	X_3
9	Kab. Jember	X_3
10	Kab. Banyuwangi	X_3
11	Kab. Bondowoso	X_3
12	Kab. Situbondo	X_3
13	Kab. Probolinggo	X_3
14	Kab. Pasuruan	X_3
15	Kab. Sidoarjo	X_3
16	Kab. Mojokerto	X_3

Tabel 4.7 Pengelompokkan Kabupaten Berdasarkan Variabel yang Signifikan dalam Model GWNBR (Lanjutan)

	Kabupaten/Kota	Variabel Yang Signifikan
17	Kab. Jombang	X_3
18	Kab. Nganjuk	X_3
19	Kab. Madiun	X_3
20	Kab. Magetan	X_3
21	Kab. Ngawi	X_3
22	Kab. Bojonegoro	X_3
23	Kab. Tuban	X_3
24	Kab. Lamongan	X_3
25	Kab. Gresik	X_3
26	Kab. Bangkalan	X_3
27	Kab. Sampang	X_3
28	Kab. Sumenep	X_3
29	Kota Kediri	X_3
30	Kota Blitar	-
31	Kota Malang	-
32	Kota Probolinggo	-
33	Kota Pasuruan	X_3
34	Kota Mojokerto	X_3
35	Kota Madiun	X_3
36	Kota Surabaya	X_3
37	Kota Batu	X_3

Variabel yang berpengaruh signifikan pada jumlah kasus DBD di 31 kabupaten/kota di Jawa Timur adalah variabel X_3 . Sementara untuk 6 kabupaten/kota lainnya tidak ada variabel yang signifikan mempengaruhi jumlah kasus DBD pada tingkat kepercayaan 75 persen. Kelompok wilayah yang terbentuk dapat ditampilkan pada Gambar 4.7. Warna hijau menunjukkan kabupaten/kota dengan variabel X_3 yang signifikan sementara daerah dengan tidak ada variabel yang berpengaruh signifikan ditunjukkan oleh warna putih.



Gambar 4.7 Pengelompokan Kabupaten/Kota di Jawa Timur berdasarkan Variabel yang Signifikan

Suatu variabel memberikan pengaruh yang signifikan jika $|z_{hitung}| > z_{(\alpha/2)}$, dengan taraf nyata 25% maka $z_{(0,125)}$ adalah 1,15. Sebagai contoh akan disajikan pengujian parameter pada lokasi penelitian yang ke-19 (u_{19}, v_{19}) yaitu Kabupaten Madiun dengan estimasi parameter ditampilkan pada Tabel 4.8.

Tabel 4.8 Pengujian Parameter Model GWNBR Di Kab. Madiun

Parameter	Estimasi	Zhitung
$\hat{\beta}_0$	5,985385	37.826,75*
$\hat{\beta}_1$	0,0000567	0,493074
$\hat{\beta}_2$	-0,0000734	-0,00456
$\hat{\beta}_3$	0,018074	1,123544
$\hat{\beta}_4$	-0,00171	-0,12606
$\hat{\beta}_5$	-0,01163	-0,71282

*) signifikan dengan taraf nyata 25%

Karena semua nilai $|z_{hitung}| < z_{(\alpha/2)}$ maka dapat diketahui bahwa tidak terdapat variabel yang signifikan. Model regresi yang dapat dibentuk untuk Kabupaten Madiun adalah sebagai berikut.

$$\ln(\hat{\mu}) = 5,985385 + 0,0000567 X_1 - 0,0000734 X_2 + 0,018074 X_3 - 0,00171 X_4 - 0,01163 X_5$$

Sesuai model yang terbentuk untuk Kabupaten Madiun di atas dapat disimpulkan bahwa setiap pertambahan 1 jiwa/Km² (X₁) maka akan menambah rata-rata jumlah kasus DBD sebesar $\exp(0,0000567) \approx 1$ kasus dengan asumsi variabel lain konstan. Hal ini sesuai karena DBD merupakan penyakit menular dan nyamuk *Aedes Aegypti* sangat menyukai tempat yang padat dan semakin padat penduduk, peluang lingkungan menjadi kumuh akan lebih besar. Selanjutnya setiap pertambahan persentase rumah/bangunan bebas jentik aedes (X₂) sebesar 1 persen maka jumlah kasus DBD akan berkurang sebesar $\exp(0,0000734) \approx 1$ kasus dengan asumsi variabel lain konstan. Hal ini sesuai karena semakin banyak rumah/bangunan bebas jentik, maka jumlah jentik yang tumbuh semakin sedikit dan jumlah orang yang terkena virus *dengue* semakin sedikit. Selanjutnya penambahan 1 persen rumah tangga berperilaku hidup bersih dan sehat (X₃) akan meningkatkan jumlah kasus DBD sebesar $\exp(0,018074) \approx 1$ kasus DBD di Kabupaten Madiun dengan asumsi variabel lain konstan. Hal ini tidak sesuai karena seharusnya semakin tinggi rumah tangga yang berperilaku hidup bersih dan sehat maka semakin sedikit jumlah kasus DBD nya. Namun ketidaksesuaian tersebut bukan berarti bahwa semakin tinggi persentase rumah tangga yang berperilaku hidup bersih dan sehat justru akan meningkatkan jumlah kasus DBD. Hal ini mungkin saja terjadi karena dampak dari perilaku hidup bersih dan sehat pada masyarakat tidak langsung memberikan dampak pada penurunan jumlah kasus DBD namun dampaknya dirasakan setelah beberapa interval waktu tertentu. Untuk kenaikan sebesar 1 persen pada persentase rumah sehat (X₄) maka akan mengurangi jumlah kasus DBD sebesar $\exp(0,00171) \approx 1$ kasus DBD dengan asumsi variabel lain konstan. Hal ini sesuai karena semakin banyak rumah sehat maka lingkungan akan semakin bersih dan nyamuk *Aedes Aegypti* tidak menyukai tempat yang bersih. Setiap kenaikan 1 persen pada persentase sarana pendidikan yang dibangun lingkungan kesehatan-

nya (X_5) maka jumlah kasus DBD akan berkurang sebanyak $\exp(0,01163) = 1,011 \approx 1$ kasus DBD dengan asumsi semua variabel lain konstan. Hal ini sesuai bahwa semakin banyak sarana pendidikan yang dibina lingkungan kesehatannya maka semakin banyak pula orang di lingkungan sarana pendidikan tersebut yang peduli dengan kebersihan lingkungannya. Dampak dari lingkungan yang bersih adalah semakin sedikitnya nyamuk yang berkembang pada lingkungan tersebut sehingga penularan virus *dengue* dapat diminimalisir.

4.3 Pemilihan Model Terbaik

Pemilihan model terbaik berdasarkan kriteria AIC pada model regresi Poisson, regresi Binomial Negatif, dan GWNBR adalah sebagai berikut.

Tabel 4.9 Pemilihan Model Terbaik dengan AIC

Regresi Poisson	9.044,8
Regresi Binomial Negatif	522,12
GWNBR	449,06

Tabel 4.9 menunjukkan bahwa dari ketiga model tersebut, GWNBR memiliki nilai AIC paling kecil dibandingkan dengan Poisson dan Binomial Negatif, sehingga GWNBR lebih baik dalam memodelkan jumlah kasus DBD masing-masing Kabupaten/Kota di Provinsi Jawa Timur pada tahun 2013.

4.4 Pendeteksian Kantong DBD di Jawa Timur Menggunakan *Flexibly Shaped Spatial Scan Statistic*

Informasi mengenai daerah-daerah yang menjadi *hotspot* atau kantong DBD sangat diperlukan oleh pemerintah daerah maupun peneliti, dengan adanya informasi mengenai kantong DBD maka dapat diketahui daerah atau wilayah yang memerlukan perhatian khusus dan menjadi prioritas utama dalam program penanggulangan dan pencegahan DBD. *Flexibly Shaped Spatial Scan Statistic* merupakan salah satu metode statistik yang dapat digunakan untuk mendeteksi *hotspot* dimana dalam penelitian ini *hotspot* adalah daerah atau wilayah kantong DBD.

Hasil pendeteksian kantong DBD di Provinsi Jawa Timur dengan data prediksi selengkapnya dapat dilihat pada Tabel 4.10 dan Gambar 4.8.

Tabel 4.10 Hasil Deteksi Kantong DBD di Jawa Timur

Kantong DBD	Jumlah Kabupaten	Jarak Maks.	Kasus DBD	Harapan	Resiko Relatif	P-Value
1	1	0	2207	637,803	3,46	0,0001
2	2	63,67	1478	703,212	2,10	0,0001
3	1	0	514	267,407	1,92	0,0001
4	2	24,21	1654	887,859	1,86	0,0001
5	1	0	644	362,66	1,78	0,0001
6	1	0	834	487,593	1,71	0,0001
7	2	41,90	747	534,208	1,40	0,0001
8	1	0	394	288,008	1,37	0,0001
9	1	0	331	261,174	1,28	0,0012
10	1	0	474	376,384	1,26	0,0001
11	1	0	596	472,223	1,26	0,0001
12	1	0	440	355,373	1,24	0,0007

Keterangan:

Kantong DBD : Kumpulan satu atau beberapa kabupaten /kota yang membentuk *hotspot* atau kantong DBD

Jumlah Kabupaten : Banyak kabupaten dalam satu kantong

Jarak Maksimum : Jarak antar kabupaten terjauh yang ada dalam satu kantong

Kasus DBD : Jumlah total kasus DBD dalam satu kantong

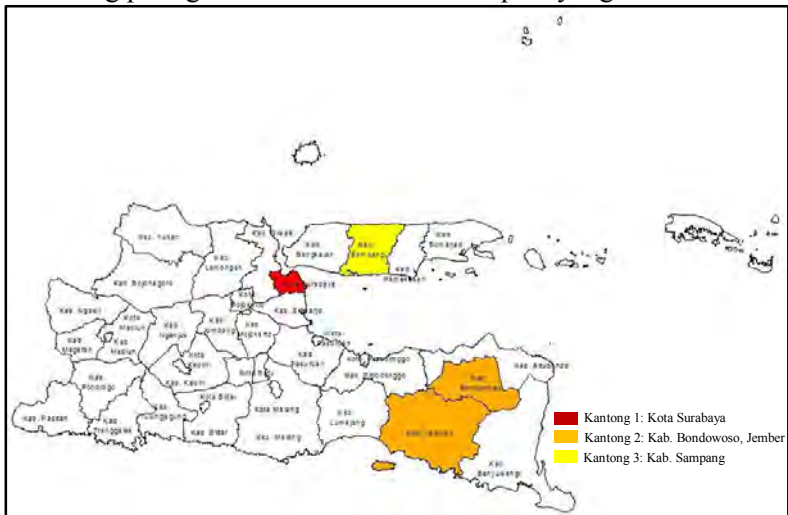
Harapan : Jumlah kasus DBD dalam satu kantong yang diharapkan, diperoleh dari jumlah total kasus DBD dalam satu kantong dibagi nilai resiko relatif

Resiko Relatif : Nilai resiko relatif di dalam kantong DBD dibanding nilai resiko relatif di luar kantong

P-value : Perbandingan antara *likelihood* yang maksimal dari data sebenarnya dibandingkan *likelihood* dari data acak

Jumlah kabupaten setiap kantong dibatasi 15 kabupaten yang berbatasan dan jarak terdekat, termasuk kabupaten awal. pengujian tingkat signifikansi dilakukan dengan teknik simulasi *Monte Carlo* dimana pengulangan sebanyak 99, 999, dan 9999 menghasilkan kesimpulan yang sama baik dari sisi jumlah kantong DBD yang dideteksi maupun resiko relatifnya. Perbedaan hasil hanya pada keakuratan *p-value*. Oleh karena itu, hasil yang disajikan pada Tabel 4.10 merupakan pengujian tingkat signifikansi dengan pengulangan sebanyak 9999. Hasil lengkap pendeteksian kantong DBD di Jawa Timur dengan data penelitian untuk pengulangan sebanyak 99, 999 dan 9999 dapat dilihat di Lampiran 18-20.

Deteksi kantong jumlah kasus DBD di Jawa Timur dengan *flexibly shaped spatial scan statistic* pada Tabel 4.10 akan dibentuk dalam sebuah peta. Peta yang dibuat menggambarkan kabupaten/kota yang memiliki resiko relatif tertinggi yang masuk 3 kantong paling beresiko. Berikut adalah peta yang dihasilkan.



Gambar 4.8 Hasil pendeteksian 3 kantong paling beresiko DBD di Jawa Timur

Tingkat kerawanan suatu wilayah terhadap DBD didapatkan berdasarkan jumlah kasus DBD yang terjadi dibagi dengan jumlah kasus DBD ramalan yang telah dihitung berdasarkan model yang terbentuk di setiap lokasi. Sesuai hasil proses deteksi jumlah kasus DBD diperoleh 12 kantong DBD namun hanya 3 kantong dengan resiko tertinggi saja yang dipetakan sesuai Gambar. 4.7.

Daerah berwarna merah merupakan kota Surabaya dimana kota tersebut paling rawan terkena DBD. Dilihat dari nilai resiko relatif sebesar 3,46. Artinya, kota Surabaya memiliki resiko untuk terkena DBD 3,46 kali lebih tinggi dibandingkan daerah lain yang berada di luar kantong.

Daerah berwarna orange terdiri dari 2 kabupaten yaitu kabupaten Jember dan Bondowoso. Kabupaten tersebut tergolong kabupaten rawan terkena DBD. Dilihat dari nilai resiko relatif maka resiko kedua kabupaten tersebut untuk terkena kasus DBD yakni 2,10 kali lebih tinggi dibandingkan kabupaten lain yang berada di luar kantong.

Kantong DBD yang ketiga terdiri dari satu Kabupaten yakni kabupaten Sampang yang ditunjukkan oleh warna kuning. Dilihat dari resiko relatifnya, Kabupaten Sampang memiliki resiko 1,92 kali lebih tinggi untuk terkena DBD dibandingkan daerah lain yang berada di luar kantong.

(halaman ini sengaja dikosongkan)

BAB V

KESIMPULAN DAN SARAN

5.1 Kesimpulan

Berdasarkan analisis yang telah dilakukan, kesimpulan yang didapat adalah sebagai berikut.

1. Data yang memiliki keragaman paling tinggi adalah data pada variabel kepadatan penduduk (jiwa/Km²). Pada tahun 2013 Kota Surabaya memiliki jumlah kasus DBD paling banyak dan Kota Mojokerto memiliki jumlah kasus DBD paling sedikit di Provinsi Jawa Timur. Kepadatan penduduk paling tinggi ada di Kota Surabaya dan paling rendah ada di Kabupaten Banyuwangi. Persentase rumah/bangunan bebas jentik aedes hampir sama di setiap kabupaten/kota, dengan persentase tertinggi adalah Kota Mojokerto dan paling kecil ada di Kabupaten Bangkalan. Kota Surabaya memiliki persentase rumah tangga yang berilaku hidup bersih dan sehat (PHBS) terbanyak sedangkan persentase paling sedikit ada di Kabupaten Situbondo. Persentase rumah sehat paling tinggi ada di Kota Surabaya dan paling kecil ada di Kabupaten Blitar. Secara umum, persentase sarana pendidikan yang dibina lingkungan kesehatannya paling banyak ada di Kabupaten Nganjuk, Kabupaten Lamongan dan Kota Mojokerto sedangkan persentase paling kecil ada di Kabupaten Kediri.
2. Hasil pemodelan GWNBR dengan fungsi pembobot kernel *Fixed Gaussian* menunjukkan bahwa ada dua kelompok daerah berdasarkan variabel-variabel yang signifikan. Kelompok pertama adalah Kabupaten Pacitan, Trenggalek, Tulungagung, Kota Blitar, Kota Probolinggo dan Kota Malang. Pada kelompok ini diketahui bahwa tidak terdapat

variabel yang berpengaruh signifikan. Kelompok kedua adalah kelompok dengan variabel persentase rumah tangga berperilaku hidup bersih dan sehat signifikan berpengaruh terhadap jumlah kasus DBD di setiap kabupaten/kota. Kelompok dua terdiri dari kelompok yang berada di luar kelompok satu antara lain Kabupaten Ponorogo, Kabupaten Blitar, Kabupaten Kediri, dan seterusnya.

3. Hasil proses pendeteksian kantong DBD di Provinsi Jawa Timur menunjukkan bahwa terbentuk 12 kantong DBD yang masing - masing terdiri dari 1 dan 2 Kabupaten/Kota. Kantong DBD 1 merupakan daerah paling rawan terkena DBD yaitu Kota Surabaya yang memiliki resiko relatif terkena DBD 3,46 kali lebih besar dibanding Kabupaten lain. Kantong DBD 2 merupakan daerah rawan terdiri dari Kabupaten Jember dan Bondowoso yang memiliki resiko relatif terkena DBD 2,10 kali dari kabupaten di luar kantong DBD 2. Kantong DBD 3 merupakan daerah cukup rawan terdiri dari Kabupaten Sampang yang memiliki resiko relatif terkena DBD 1.92 kali dari Kabupaten di luar kantong DBD 3.

5.2 Saran

Terdapat beberapa saran dari hasil penelitian, yaitu sebagai berikut.

1. Pengelompokan kabupaten/kota berdasarkan variabel yang signifikan telah dibentuk sehingga diharapkan ke depannya ada usaha untuk menekan jumlah kasus DBD dengan mengimplementasikan pola hidup berdasarkan variabel yang signifikan di tiap lokasi.
2. Model GWNBR menunjukkan bahwa hanya terdapat 1 variabel lokal dan 4 variabel lainnya adalah variabel global, sehingga untuk penelitian selanjutnya dapat dilakukan

analisis dengan *Mixed Geographically Weighted Negative Binomial Regression* dan penambahan variabel baru termasuk pengaruh musim.

(halaman ini sengaja dikosongkan)

Lampiran 1. Unit Penelitian

No	Kabupaten/Kota	No	Kabupaten/Kota
1	Kab. Pacitan	20	Kab. Magetan
2	Kab. Ponorogo	21	Kab. Ngawi
3	Kab. Trenggalek	22	Kab. Bojonegoro
4	Kab. Tulungagung	23	Kab. Tuban
5	Kab. Blitar	24	Kab. Lamongan
6	Kab. Kediri	25	Kab. Gresik
7	Kab. Malang	26	Kab. Bangkalan
8	Kab. Lumajang	27	Kab. Sampang
9	Kab. Jember	28	Kab. Pamekasan
10	Kab. Banyuwangi	29	Kab. Sumenep
11	Kab. Bondowoso	30	Kota Kediri
12	Kab. Situbondo	31	Kota Blitar
13	Kab. Probolinggo	32	Kota Malang
14	Kab. Pasuruan	33	Kota Probolinggo
15	Kab. Sidoarjo	34	Kota Pasuruan
16	Kab. Mojokerto	35	Kota Mojokerto
17	Kab. Jombang	36	Kota Madiun
18	Kab. Nganjuk	37	Kota Surabaya
19	Kab. Madiun	38	Kota Batu

Lampiran 2. Data Jumlah Kasus DBD Tahun 2013 dan Faktor yang Diduga Mempengaruhinya

No	Y	X ₁	X ₂	X ₃	X ₄	X ₅	U	V
1	346	391.83	88.2	55.82	40.57	61.33	8.11	111.06
2	394	657.92	82.2	34.61	66.18	85.65	7.52	111.57
3	333	593.57	90.57	28.02	21.24	88.15	8.02	111.42
4	414	954.49	85.49	36.9	62.9	91.01	8.03	111.53
5	199	846.35	79.47	43.05	1.02	12.57	7.12	113.15
6	832	1101.31	69.99	53.06	4.48	10.66	7.1	113.28
7	1165	709.81	86.46	56.25	20.88	54.64	7.45	113.12
8	150	568.53	90.63	38.36	25.61	70.53	8.03	112
9	1018	768.18	88.61	63.92	44.22	83.64	7.58	112.38
10	246	272.34	91.6	40.98	62.41	77.11	7.49	112
11	460	491.71	94.4	19.07	17.07	78.73	7.47	112.03
12	331	395.7	73.08	17.14	17.1	63.23	7.14	112.44
13	134	662.6	95.65	22.9	21.06	94.62	7.38	112.54
14	440	1056.18	90.43	41.98	15.73	76.7	7.59	112.37
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
29	834	529.75	91.57	55	3.56	66.52	7.51	112.31
30	274	4352.98	92.11	52.49	10.39	97.08	7.36	111.53
31	77	4168.22	88.25	38.65	20.49	74.36	7.34	111.26
32	489	5789.96	84.05	37.09	35.53	93.65	7.39	111.19
33	76	3968.93	83.7	57.46	27.15	82.3	7.24	111.26
34	198	5434.12	81.41	39.65	64.64	84.56	7.09	111.53
35	17	7506.25	98.85	55.16	78.19	100	6.52	112.01
36	110	5101.39	95.09	65.48	78.39	66.22	7.07	112.24
37	2207	8035.4	89.77	67.32	81.03	84	7.09	112.24
38	139	1440.33	95.95	22.42	37.31	90.37	7.02	112.44

Keterangan:

Y : Jumlah kasus DBD menurut kabupaten/kota di Provinsi Jawa Timur

X₁ : Kepadatan penduduk (jiwa/Km²)

X₂ : Persentase rumah/bangunan bebas jentik aedes

X₃ : Persentase rumah tangga berperilaku hidup bersih dan sehat

X₄ : Persentase rumah sehat

X₅ : Persentase sarana pendidikan yang dibina lingkungan kesehatannya

U : Lintang (*longitude*) kabupaten/kota

V : Bujur (*latitude*) kabupaten/kota

Lampiran 3. Nilai VIF untuk X₁

The regression equation is

$$X_1 = -4710 + 45,6 X_2 + 29,5 X_3 + 23,3 X_4 + 4,2 X_5$$

Predictor	Coef	SE Coef	T	P	VIF
Constant	-4710	4468	-1,05	0,300	
X2	45,57	52,48	0,87	0,392	1,207
X3	29,53	27,12	1,09	0,284	1,289
X4	23,35	17,87	1,31	0,201	1,576
X5	4,19	20,94	0,20	0,843	1,553

S = 2026,29 R-Sq = 19,0% R-Sq(adj) = 8,8%

VIF untuk X₁ = $1 / (1 - R_2^2) = 1 / (1 - 19,0\%) = \mathbf{1,234}$

Lampiran 4. Nilai VIF untuk X_2

The regression equation is

$$X_2 = 77,5 + 0,000505 X_1 - 0,0316 X_3 - 0,0256 X_4 + 0,145 X_5$$

Predictor	Coef	SE Coef	T	P	VIF
Constant	77,475	6,435	12,04	0,000	
X1	0,0005051	0,0005817	0,87	0,392	1,206
X3	-0,03159	0,09178	-0,34	0,733	1,332
X4	-0,02563	0,06091	-0,42	0,677	1,651
X5	0,14467	0,06492	2,23	0,033	1,346

$$S = 6,74633 \quad R\text{-Sq} = 19,1\% \quad R\text{-Sq}(\text{adj}) = 8,9\%$$

$$\text{VIF untuk } X_2 = 1 / (1 - R_2^2) = 1 / (1 - 19,1\%) = \mathbf{1,236}$$

Lampiran 5. Nilai VIF untuk X_3

The regression equation is

$$X_3 = 58,4 + 0,00121 X_1 - 0,117 X_2 + 0,269 X_4 - 0,190 X_5$$

Predictor	Coef	SE Coef	T	P	VIF
Constant	58,44	27,19	2,15	0,039	
X1	0,001210	0,001111	1,09	0,284	1,190
X2	-0,1167	0,3392	-0,34	0,733	1,231
X4	0,2687	0,1074	2,50	0,018	1,388
X5	-0,1904	0,1298	-1,47	0,152	1,457

$$S = 12,9695 \quad R\text{-Sq} = 25,2\% \quad R\text{-Sq}(\text{adj}) = 15,8\%$$

$$\text{VIF untuk } X_3 = 1 / (1 - R_3^2) = 1 / (1 - 25,2\%) = \mathbf{1,337}$$

Lampiran 6. Nilai VIF untuk X_4

The regression equation is

$$X_4 = -15,2 + 0,00217 X_1 - 0,215 X_2 + 0,609 X_3 + 0,520 X_5$$

Predictor	Coef	SE Coef	T	P	VIF
Constant	-15,21	43,72	-0,35	0,730	
X1	0,002168	0,001660	1,31	0,201	1,172
X2	-0,2147	0,5103	-0,42	0,677	1,229
X3	0,6091	0,2434	2,50	0,018	1,118
X5	0,5196	0,1799	2,89	0,007	1,233

$$S = 19,5265 \quad R\text{-Sq} = 39,7\% \quad R\text{-Sq}(\text{adj}) = 32,2\%$$

$$\text{VIF untuk } X_4 = 1 / (1 - R_4^2) = 1 / (1 - 39,7\%) = \mathbf{1,658}$$

Lampiran 7. Nilai VIF untuk X_5

The regression equation is

$$X_5 = -3,2 + 0,00030 X_1 + 0,929 X_2 - 0,331 X_3 + 0,398 X_4$$

Predictor	Coef	SE Coef	T	P	VIF
Constant	-3,21	38,33	-0,08	0,934	
X1	0,000298	0,001490	0,20	0,843	1,233
X2	0,9286	0,4167	2,23	0,033	1,069
X3	-0,3306	0,2255	-1,47	0,152	1,253
X4	0,3981	0,1378	2,89	0,007	1,316

$$S = 17,0918 \quad R\text{-Sq} = 35,7\% \quad R\text{-Sq}(\text{adj}) = 27,6\%$$

$$\text{VIF untuk } X_5 = 1 / (1 - R_5^2) = 1 / (1 - 35,7\%) = \mathbf{1,555}$$

Lampiran 8. Hasil Pemodelan Regresi Poisson

Call:

```
glm(formula = myformula, family = poisson, data = tafefy)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-29.044	-12.260	-2.539	7.781	40.547

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	5.815e+00	1.079e-01	53.899	< 2e-16 ***
X1	6.064e-05	4.044e-06	14.996	< 2e-16 ***
X2	-5.211e-03	1.288e-03	-4.045	5.24e-05

X3	2.372e-02	7.632e-04	31.079	< 2e-16 ***
X4	-1.271e-03	4.500e-04	-2.824	0.00474 **
X5	-7.571e-03	4.582e-04	-16.522	< 2e-16 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

Null deviance: 11151.0 on 36 degrees of freedom
 Residual deviance: 8757.8 on 31 degrees of freedom
 AIC: 9044.8

Lampiran 9. Hasil Pemodelan Regresi Binomial Negatif

Call:

```
glm(formula = myformula, family = negative.binomial(8.5),
data = tafefy)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-5.9216	-2.1093	-0.8179	1.0925	4.5417

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	5.979e+00	1.806e+00	3.310	0.00237 **
X1	3.631e-05	7.023e-05	0.517	0.60881
X2	-3.245e-04	2.111e-02	-0.015	0.98784
X3	1.699e-02	1.100e-02	1.544	0.13272
X4	-1.694e-04	7.294e-03	-0.023	0.98162
X5	-1.090e-02	8.314e-03	-1.312	0.19931

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(8.5) family taken to be 5.394208)

Null deviance: 245.99 on 36 degrees of freedom

Residual deviance: 204.81 on 31 degrees of freedom

AIC: 622.2

Number of Fisher Scoring iterations: 10

Lampiran 9. Hasil Pemodelan Regresi Binomial Negatif
(Lanjutan)

Call:

```
glm(formula = myformula, family = negative.binomial (1.24327),
    data = tafefy)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.3521	-0.8195	-0.3185	0.4210	1.7480

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	5.985e+00	1.806e+00	3.314	0.00235 **
X1	3.612e-05	7.024e-05	0.514	0.61076
X2	-2.788e-04	2.110e-02	-0.013	0.98954
X3	1.689e-02	1.098e-02	1.539	0.13407
X4	-1.420e-04	7.290e-03	-0.019	0.98459
X5	-1.099e-02	8.325e-03	-1.320	0.19665

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(1.2433) family
taken to be 0.8034541)

Null deviance: 37.124 on 36 degrees of freedom
Residual deviance: 31.000 on 31 degrees of freedom
AIC: 522.12

Number of Fisher Scoring iterations: 10

Lampiran 10. Matriks Pembobot Tersatandardisasi (*Standardize Contiguity Matrix*)

No	w _{1j}	w _{2j}	w _{3j}	w _{37j}	w _{38j}
1	0	19	19	0	0
2	6.333333	0	6.333333	0	0
3	12.66667	12.66667	0	0	0
4	0	9.5	9.5	0	0
5	0	0	0	0	0
6	0	0	0	0	0
7	0	0	0	0	4.75
8	0	0	0	0	0
9	0	0	0	0	0
10	0	0	0	0	0
11	0	0	0	0	0
12	0	0	0	0	0
13	0	0	0	0	0
14	0	0	0	0	6.333333
15	0	0	0	9.5	0
16	0	0	0	0	4.75
17	0	0	0	0	0
18	0	7.6	0	0	0
19	0	6.333333	0	0	0
20	0	12.66667	0	0	0
21	0	0	0	0	0
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
31	0	0	0	0	0
32	0	0	0	0	0
33	0	0	0	0	0
34	0	0	0	0	0
35	0	0	0	0	0
36	0	0	0	0	0
37	0	0	0	0	0

Lampiran 11. Hasil Uji Heterogenitas Spasial

```
#Uji BP
studentized Breusch-Pagan test

data: tes.BP
BP = 13.983, df = 5, p-value = 0.01572
tolak H0
```

Lampiran 12. Hasil Uji Dependensi Spasial

```
#Uji Morans

> estimasi_I
[1] 1.736145e-17

ndeks
[1] -0.02702703

> var.i
[1] 0.01868716

> Z.i
[1] 0.1977091
```

Lampiran 13. Nilai *Bandwidth* dan *Cross Validation*

Bandwidth: 1.358691 CV score: 8932922
Bandwidth: 2.196213 CV score: 8792155
Bandwidth: 2.71383 CV score: 8758557
Bandwidth: 2.881323 CV score: 8751205
Bandwidth: 3.137251 CV score: 8742092
Bandwidth: 3.295424 CV score: 8737462
Bandwidth: 3.39318 CV score: 8734911
Bandwidth: 3.453596 CV score: 8733438
Bandwidth: 3.490935 CV score: 8732565
Bandwidth: 3.514012 CV score: 8732040
Bandwidth: 3.528275 CV score: 8731720
Bandwidth: 3.537089 CV score: 8731524
Bandwidth: 3.542537 CV score: 8731403
Bandwidth: 3.545904 CV score: 8731329
Bandwidth: 3.547985 CV score: 8731284
Bandwidth: 3.549271 CV score: 8731255
Bandwidth: 3.550066 CV score: 8731238
Bandwidth: 3.550557 CV score: 8731227
Bandwidth: 3.550861 CV score: 8731221
Bandwidth: 3.551048 CV score: 8731217
Bandwidth: 3.551164 CV score: 8731214
Bandwidth: 3.551236 CV score: 8731212
Bandwidth: 3.55128 CV score: 8731211
Bandwidth: 3.55128 CV score: 8731211

Lampiran 14. Jarak *Euclid* antar Kabupaten/Kota di Jawa Timur

No	d_{1j}	d_{2j}	d_{3j}	d_{36j}	d_{37j}
1	0	0.779872	0.37108	1.559744	1.758551
2	0.779872	0	0.522015	0.796116	1.003444
3	0.37108	0.522015	0	1.239879	1.428426
4	0.47676	0.511566	0.110454	1.178007	1.359485
5	2.312618	1.629847	1.950103	0.910494	0.717008
6	2.438955	1.760824	2.07509	1.040048	0.843801
7	2.163146	1.55158	1.793014	0.950789	0.80455
8	0.943398	0.667083	0.580086	0.970155	1.101681
9	1.422428	0.812219	1.05603	0.509608	0.563205
10	1.126055	0.431045	0.785684	0.466476	0.643817
11	1.16211	0.462709	0.82134	0.434166	0.608769
12	1.686802	0.949368	1.347145	0.206155	0.12
13	1.650242	0.980051	1.289961	0.417253	0.373631
14	1.409433	0.803057	1.042785	0.516624	0.574282
15	0.777946	0.308869	0.660984	0.980816	1.192518
16	2.689721	2.008482	2.325618	1.273185	1.070187
17	2.070217	1.657468	1.711052	1.33124	1.264792
18	2.260553	1.863357	1.905151	1.520296	1.440139
19	3.150016	2.702961	2.791147	2.21382	2.073475
20	2.495957	1.920104	2.124924	1.328533	1.171708
21	2.59083	1.992034	2.21982	1.559744	1.758551
:	:	:	:	:	:	:	:
:	:	:	:	:	:	:	:
:	:	:	:	:	:	:	:
31	0.731642	0.401622	0.670671	1.092016	1.30361
32	0.892693	0.417732	0.796241	0.991413	1.200333
33	1.123076	0.431856	0.936483	0.71	0.912688
34	1.852188	1.09252	1.611862	0.614654	0.659469
35	1.572895	0.807094	1.25495	0.02	0.206155
36	1.559744	0.796116	1.239879	0	0.211896
37	1.758551	1.003444	1.428426	0.211896	0

Lampiran 15. Matriks Pembobot Spasial dengan Fungsi Kernel
Fix Gaussian

No	W_{1j}	W_{2j}	W_{3j}	W_{36j}	W_{37j}
1	1	0.952919	0.989141	0.824563	0.782539
2	0.952919	1	0.978625	0.950987	0.923265
3	0.989141	0.978625	1	0.885241	0.850622
4	0.982138	0.979463	0.999033	0.895804	0.863684
5	0.654378	0.810072	0.739678	0.936381	0.960056
6	0.62396	0.782043	0.710752	0.917805	0.945108
7	0.690028	0.826225	0.774981	0.930829	0.949969
8	0.931862	0.96533	0.973671	0.928087	0.908249
9	0.851776	0.949036	0.91537	0.979618	0.975162
10	0.904347	0.985376	0.952232	0.982894	0.967668
11	0.89845	0.983167	0.947915	0.985165	0.971042
12	0.798029	0.931028	0.865975	0.996636	0.998859
13	0.805787	0.926668	0.876392	0.98629	0.988992
14	0.854265	0.95015	0.91739	0.979059	0.974188
15	0.953146	0.992464	0.96595	0.926558	0.893364
16	0.563467	0.726247	0.651257	0.879385	0.913188
17	0.711891	0.804261	0.792832	0.868905	0.880871
18	0.66685	0.759336	0.749912	0.832545	0.848359
19	0.455307	0.560286	0.539169	0.677998	0.71113
20	0.610197	0.746519	0.699054	0.869401	0.896856
21	0.587288	0.730046	0.676564	0.863014	0.893335
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
31	0.958443	0.987292	0.964963	0.909777	0.873935
32	0.938767	0.986259	0.950971	0.925023	0.89204
33	0.904827	0.985321	0.932824	0.960817	0.936084
34	0.761839	0.909698	0.813826	0.970488	0.966104
35	0.821874	0.94966	0.882605	0.999968	0.996636
36	0.824563	0.950987	0.885241	1	0.996446
37	0.782539	0.923265	0.850622	0.996446	1

Lampiran 16. Estimasi Parameter Model GWNBR

	θ	β_0	β_1	β_2	β_3	β_4	β_5
1	1.243272	5.985375	2.61E-05	-0.00075	0.016209	0.000723	-0.00993
2	1.243271	5.985375	2.93E-05	-0.00082	0.016843	0.000253	-0.01011
3	1.243271	5.985376	2.90E-05	-0.00068	0.016514	0.000444	-0.01013
4	1.243271	5.985377	2.99E-05	-0.00065	0.016588	0.000363	-0.01019
5	1.243272	5.985377	4.36E-05	-0.0008	0.018038	-0.00113	-0.01065
6	1.243272	5.985377	4.49E-05	-0.0008	0.01812	-0.00125	-0.01069
7	1.243271	5.985379	4.39E-05	-0.00062	0.017856	-0.00101	-0.01079
8	1.24327	5.985378	3.41E-05	-0.00054	0.016907	8.13E-06	-0.01045
9	1.243271	5.985377	3.68E-05	-0.00066	0.017357	-0.00038	-0.01051
10	1.243271	5.985376	3.31E-05	-0.00076	0.017154	-9.19E-05	-0.01031
11	1.243271	5.985376	3.33E-05	-0.00076	0.017183	-0.00012	-0.01031
12	1.243271	5.985376	3.66E-05	-0.00086	0.017606	-0.00052	-0.01039
13	1.243271	5.985377	3.80E-05	-0.00073	0.017551	-0.00055	-0.01051
14	1.24327	5.985377	3.68E-05	-0.00066	0.017346	-0.00037	-0.01051
15	1.243271	5.985374	2.67E-05	-0.00093	0.016714	0.000439	-0.00994
16	1.243273	5.985377	4.72E-05	-0.00085	0.018296	-0.00148	-0.01073
17	1.243271	5.985382	4.51E-05	-0.00028	0.017556	-0.00085	-0.01107
18	1.243271	5.985383	4.72E-05	-0.0002	0.017618	-0.00098	-0.0112
19	1.243274	5.985385	5.67E-05	-7.34E-05	0.018074	-0.00171	-0.01163
20	1.243272	5.98538	4.79E-05	-0.00053	0.01801	-0.00129	-0.01099
21	1.243273	5.985379	4.85E-05	-0.00059	0.018101	-0.00139	-0.01096
22	1.243271	5.985379	4.21E-05	-0.00058	0.017684	-0.00082	-0.01075
23	1.243271	5.985378	4.01E-05	-0.00066	0.017628	-0.00069	-0.01063
24	1.243271	5.985376	3.66E-05	-0.0008	0.01753	-0.00048	-0.01042
25	1.24327	5.985378	3.50E-05	-0.00052	0.016961	-5.87E-05	-0.0105
26	1.243271	5.985376	3.54E-05	-0.00079	0.017417	-0.00035	-0.01038

Lampiran 16. Estimasi Parameter Model GWNBR (Lanjutan)

	θ	β_0	β_1	β_2	β_3	β_4	β_5
27	1.243271	5.985376	3.50E-05	-0.00081	0.017417	-0.00034	-0.01036
28	1.243271	5.985377	3.60E-05	-0.0007	0.017346	-0.00034	-0.01046
29	1.243271	5.985375	2.86E-05	-0.00089	0.016888	0.000257	-0.01005
30	1.243272	5.985374	2.63E-05	-0.00094	0.016697	0.000466	-0.00992
31	1.243272	5.985374	2.58E-05	-0.00094	0.016622	0.000528	-0.00989
32	1.243272	5.985374	2.61E-05	-0.00098	0.016743	0.000451	-0.0099
33	1.243271	5.985374	2.81E-05	-0.00099	0.017013	0.00021	-0.00999
34	1.243272	5.985372	3.13E-05	-0.00117	0.017628	-0.0003	-0.01003
35	1.243271	5.985375	3.45E-05	-0.00091	0.017511	-0.00037	-0.01029
36	1.243271	5.985375	3.46E-05	-0.0009	0.017502	-0.00037	-0.01029
37	1.243271	5.985375	3.64E-05	-0.00091	0.017664	-0.00055	-0.01035

Lampiran 17. Nilai Z Hitung Parameter Model GWNBR

	β_0	β_1	β_2	β_3	β_4	β_5
1	41076.85	0.269004	-0.04807	1.075386	0.061463	-0.62556
2	43066.32	0.317127	-0.05627	1.183628	0.022325	-0.67792
3	42338.67	0.306027	-0.04543	1.134185	0.038695	-0.66261
4	42587.65	0.317345	-0.04373	1.147057	0.031769	-0.67206
5	42218.21	0.449285	-0.05573	1.262673	-0.09512	-0.72446
6	41809.86	0.456858	-0.05544	1.257252	-0.10374	-0.72192
7	42606.68	0.453374	-0.04341	1.256907	-0.08601	-0.73731
8	43308.33	0.364081	-0.0372	1.193809	0.000717	-0.70707
9	43767.45	0.397248	-0.04651	1.247667	-0.03336	-0.72703
10	43688.28	0.360288	-0.05315	1.228092	-0.00818	-0.70723
11	43705.7	0.362922	-0.05346	1.231226	-0.01065	-0.70864
12	43444.55	0.39467	-0.0604	1.262064	-0.0461	-0.71732
13	43609.6	0.408455	-0.05161	1.261015	-0.0485	-0.7283
14	43770.35	0.396462	-0.04628	1.246747	-0.03246	-0.72677
15	42339.88	0.286231	-0.06199	1.152999	0.038381	-0.65331
16	40861.91	0.46679	-0.05749	1.243238	-0.11961	-0.71144
17	42178.56	0.454478	-0.0192	1.214989	-0.07185	-0.74354
18	41491.6	0.464125	-0.01348	1.199129	-0.08099	-0.742
19	37826.75	0.493074	-0.00456	1.123544	-0.12606	-0.71282
20	41460.87	0.475174	-0.03597	1.234306	-0.10625	-0.73473
21	41166.24	0.477442	-0.03973	1.233578	-0.11285	-0.72961
22	43100.35	0.440981	-0.04099	1.256358	-0.07039	-0.73974
23	43407.57	0.426283	-0.04653	1.261252	-0.06049	-0.73518
24	43610.2	0.395868	-0.05632	1.259698	-0.04217	-0.72135
25	43352.6	0.372602	-0.03562	1.199575	-0.00517	-0.71239
26	43699.37	0.384131	-0.05586	1.25217	-0.03122	-0.71758

Lampiran 17. Nilai Z Hitung Parameter Model GWNBR
(Lanjutan)

	β_0	β_1	β_2	β_3	β_4	β_5
27	43666.63	0.380524	-0.05736	1.251376	-0.02982	-0.71517
28	43785.27	0.390053	-0.04951	1.247564	-0.02977	-0.72311
29	42924.6	0.310178	-0.06061	1.183983	0.022673	-0.67262
30	42203.42	0.281427	-0.06293	1.147943	0.040606	-0.64925
31	42013.26	0.275018	-0.06229	1.136283	0.045869	-0.64346
32	42122.41	0.279313	-0.06512	1.149786	0.039177	-0.64744
33	42640.84	0.304006	-0.06718	1.187523	0.018421	-0.666
34	41945.53	0.333419	-0.07994	1.22199	-0.02603	-0.66736
35	43398.61	0.374527	-0.06391	1.252747	-0.033	-0.70728
36	43430.43	0.375065	-0.0633	1.252746	-0.03263	-0.7081
37	43252.6	0.391452	-0.06426	1.262084	-0.04839	-0.71216

Lampiran 18. *Output Flexscan* Hasil Deteksi Kantong DBD
dengan Jumlah Replikasi 99

 FleXScan ver3.1.2 -- purely spatial

MOST LIKELY CLUSTER

1.Census areas included .: KotaSurabaya
 Maximum distance.....: 0 km (areas: KotaSurabaya to
 KotaSurabaya)
 Number of cases: 2207
 (Expected number of cases: 637.803)
 Overall relative risk .: 3.46032
 Statistic value: 1259.31
 Monte Carlo rank: 1/100
 P-value: 0.01

SECONDARY CLUSTERS

2.Census areas included .: Kab.Jember, Kab.Bondowoso
 Maximum distance.....: 63.67 km (areas: Kab.Jember to
 Kab.Bondowoso)
 Number of cases: 1478
 (Expected number of cases: 703.212)
 Overall relative risk .: 2.10178
 Statistic value: 344.386
 Monte Carlo rank: 1/100
 P-value: 0.01

 3.Census areas included .: Kab.Malang, KotaMalang
 Maximum distance.....: 24.2132 km (areas: Kab.Malang to
 KotaMalang)
 Number of cases: 1654
 (Expected number of cases: 887.859)
 Overall relative risk .: 1.86291
 Statistic value: 284.011
 Monte Carlo rank: 1/100
 P-value: 0.01

**Lampiran 18. Output Flexscan Hasil Deteksi Kantong DBD
dengan Jumlah Replikasi 99 (Lanjutan)**

- 4.Census areas included .: Kab.Sumenep
Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Sumenep to Kab.Sumenep)
Number of cases: 834
(Expected number of cases: 487.593)
Overall relative risk .: 1.71044
Statistic value: 105.403
Monte Carlo rank: 1/100
P-value: 0.01

- 5.Census areas included .: Kab.Sampang
Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Sampang to Kab.Sampang)
Number of cases: 514
(Expected number of cases: 267.407)
Overall relative risk .: 1.92216
Statistic value: 91.3519
Monte Carlo rank: 1/100
P-value: 0.01

- 6.Census areas included .: Kab.Lamongan
Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Lamongan to Kab.Lamongan)
Number of cases: 644
(Expected number of cases: 362.66)
Overall relative risk .: 1.77577
Statistic value: 91.1812
Monte Carlo rank: 1/100
P-value: 0.01

- 7.Census areas included .: Kab.Trenggalek, Kab.Tulungagung
Maximum distance.....: 41.9011 km (areas: Kab.Trenggalek to Kab.Tulungagung)
Number of cases: 747
(Expected number of cases: 534.208)
Overall relative risk .: 1.39833
Statistic value: 39.2314
Monte Carlo rank: 1/100
P-value: 0.01

Lampiran 18. *Output Flexscan* Hasil Deteksi Kantong DBD
dengan Jumlah Replikasi 99 (Lanjutan)

- 8.Census areas included : Kab.Ponorogo
Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Ponorogo to Kab.Ponorogo)
Number of cases: 394
(Expected number of cases: 288.008)
Overall relative risk : 1.36802
Statistic value: 17.8549
Monte Carlo rank: 1/100
P-value: 0.01
- 9.Census areas included : Kab.Bangkalan
Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Bangkalan to Kab.Bangkalan)
Number of cases: 596
(Expected number of cases: 472.233)
Overall relative risk : 1.26209
Statistic value: 15.4905
Monte Carlo rank: 1/100
P-value: 0.01
- 10.Census areas included : Kab.Jombang
Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Jombang to Kab.Jombang)
Number of cases: 474
(Expected number of cases: 376.384)
Overall relative risk : 1.25935
Statistic value: 12.013
Monte Carlo rank: 1/100
P-value: 0.01
- 11.Census areas included : Kab.Pasuruan
Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Pasuruan to Kab.Pasuruan)
Number of cases: 440
(Expected number of cases: 355.373)
Overall relative risk : 1.23813
Statistic value: 9.60434
Monte Carlo rank: 1/100
P-value: 0.01

Lampiran 18. *Output Flexscan* Hasil Deteksi Kantong DBD
dengan Jumlah Replikasi 99 (Lanjutan)

12.Census areas included .: Kab.Situbondo
Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Situbondo to
Kab.Situbondo)
Number of cases: 331
(Expected number of cases: 261.174)
Overall relative risk .: 1.26735
Statistic value: 8.76358
Monte Carlo rank: 1/100
P-value: 0.01

*** There are no more secondary clusters ***

Lampiran 19. *Output Flexscan* Hasil Deteksi Kantong DBD
dengan Jumlah Replikasi 999

 FleXScan ver3.1.2 -- purely spatial

MOST LIKELY CLUSTER

1.Census areas included .: KotaSurabaya
 Maximum distance.....: 0 km (areas: KotaSurabaya to
 KotaSurabaya)
 Number of cases: 2207
 (Expected number of cases: 637.803)
 Overall relative risk .: 3.46032
 Statistic value: 1259.31
 Monte Carlo rank: 1/1000
 P-value: 0.001

 SECONDARY CLUSTERS

2.Census areas included .: Kab.Jember, Kab.Bondowoso
 Maximum distance.....: 63.67 km (areas: Kab.Jember to
 Kab.Bondowoso)
 Number of cases: 1478
 (Expected number of cases: 703.212)
 Overall relative risk .: 2.10178
 Statistic value: 344.386
 Monte Carlo rank: 1/1000
 P-value: 0.001

3.Census areas included .: Kab.Malang, KotaMalang
 Maximum distance.....: 24.2132 km (areas: Kab.Malang to
 KotaMalang)
 Number of cases: 1654
 (Expected number of cases: 887.859)
 Overall relative risk .: 1.86291
 Statistic value: 284.011
 Monte Carlo rank: 1/1000
 P-value: 0.001

**Lampiran 19. *Output Flexscan* Hasil Deteksi Kantong DBD
dengan Jumlah Replikasi 999 (Lanjutan)**

4. Census areas included : Kab.Sumenep
Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Sumenep to Kab.Sumenep)
Number of cases: 834
(Expected number of cases: 487.593)
Overall relative risk : 1.71044
Statistic value: 105.403
Monte Carlo rank: 1/1000
P-value: 0.001

5. Census areas included : Kab.Sampang
Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Sampang to Kab.Sampang)
Number of cases: 514
(Expected number of cases: 267.407)
Overall relative risk : 1.92216
Statistic value: 91.3519
Monte Carlo rank: 1/1000
P-value: 0.001

6. Census areas included : Kab.Lamongan
Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Lamongan to Kab.Lamongan)
Number of cases: 644
(Expected number of cases: 362.66)
Overall relative risk : 1.77577
Statistic value: 91.1812
Monte Carlo rank: 1/1000
P-value: 0.001

7. Census areas included : Kab.Trenggalek, Kab.Tulungagung
Maximum distance.....: 41.9011 km (areas: Kab.Trenggalek to Kab.Tulungagung)
Number of cases: 747
(Expected number of cases: 534.208)
Overall relative risk : 1.39833
Statistic value: 39.2314
Monte Carlo rank: 1/1000
P-value: 0.001

Lampiran 19. *Output Flexscan* Hasil Deteksi Kantong DBD
dengan Jumlah Replikasi 999 (Lanjutan)

8.Census areas included .: Kab.Ponorogo

Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Ponorogo to
Kab.Ponorogo)

Number of cases: 394

(Expected number of cases: 288.008)

Overall relative risk .: 1.36802

Statistic value: 17.8549

Monte Carlo rank: 1/1000

P-value: 0.001

9.Census areas included .: Kab.Bangkalan

Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Bangkalan to
Kab.Bangkalan)

Number of cases: 596

(Expected number of cases: 472.233)

Overall relative risk .: 1.26209

Statistic value: 15.4905

Monte Carlo rank: 1/1000

P-value: 0.001

10.Census areas included .: Kab.Jombang

Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Jombang to
Kab.Jombang)

Number of cases: 474

(Expected number of cases: 376.384)

Overall relative risk .: 1.25935

Statistic value: 12.013

Monte Carlo rank: 1/1000

P-value: 0.001

11.Census areas included .: Kab.Pasuruan

Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Pasuruan to
Kab.Pasuruan)

Number of cases: 440

(Expected number of cases: 355.373)

Overall relative risk .: 1.23813

Statistic value: 9.60434

Monte Carlo rank: 1/1000

P-value: 0.001

Lampiran 19. *Output Flexscan* Hasil Deteksi Kantong DBD
dengan Jumlah Replikasi 999 (Lanjutan)

12.Census areas included .: Kab.Situbondo
Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Situbondo to
Kab.Situbondo)
Number of cases: 331
(Expected number of cases: 261.174)
Overall relative risk .: 1.26735
Statistic value: 8.76358
Monte Carlo rank: 2/1000
P-value: 0.002

*** There are no more secondary clusters ***

Lampiran 20. *Output Flexscan* Hasil Deteksi Kantong DBD
dengan Jumlah Replikasi 9999

 FleXScan ver3.1.2 -- purely spatial

MOST LIKELY CLUSTER

1.Census areas included : KotaSurabaya
 Maximum distance.....: 0 km (areas: KotaSurabaya to
 KotaSurabaya)
 Number of cases: 2207
 (Expected number of cases: 637.803)
 Overall relative risk : 3.46032
 Statistic value: 1259.31
 Monte Carlo rank: 1/10000
 P-value: 0.0001

SECONDARY CLUSTERS

2.Census areas included : Kab.Jember, Kab.Bondowoso
 Maximum distance.....: 63.67 km (areas: Kab.Jember to
 Kab.Bondowoso)
 Number of cases: 1478
 (Expected number of cases: 703.212)
 Overall relative risk : 2.10178
 Statistic value: 344.386
 Monte Carlo rank: 1/10000
 P-value: 0.0001

3.Census areas included : Kab.Malang, KotaMalang
 Maximum distance.....: 24.2132 km (areas: Kab.Malang to
 KotaMalang)
 Number of cases: 1654
 (Expected number of cases: 887.859)
 Overall relative risk : 1.86291
 Statistic value: 284.011
 Monte Carlo rank: 1/10000
 P-value: 0.0001

Lampiran 20. *Output Flexscan* Hasil Deteksi Kantong DBD dengan Jumlah Replikasi 9999 (Lanjutan)

- 4.Census areas included .: Kab.Sumenep
 Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Sumenep to Kab.Sumenep)
 Number of cases: 834
 (Expected number of cases: 487.593)
 Overall relative risk .: 1.71044
 Statistic value: 105.403
 Monte Carlo rank: 1/10000
 P-value: 0.0001

- 5.Census areas included .: Kab.Sampang
 Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Sampang to Kab.Sampang)
 Number of cases: 514
 (Expected number of cases: 267.407)
 Overall relative risk .: 1.92216
 Statistic value: 91.3519
 Monte Carlo rank: 1/10000
 P-value: 0.0001

- 6.Census areas included .: Kab.Lamongan
 Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Lamongan to Kab.Lamongan)
 Number of cases: 644
 (Expected number of cases: 362.66)
 Overall relative risk .: 1.77577
 Statistic value: 91.1812
 Monte Carlo rank: 1/10000
 P-value: 0.0001

- 7.Census areas included .: Kab.Trenggalek, Kab.Tulungagung
 Maximum distance.....: 41.9011 km (areas: Kab.Trenggalek to Kab.Tulungagung)
 Number of cases: 747
 (Expected number of cases: 534.208)
 Overall relative risk .: 1.39833
 Statistic value: 39.2314
 Monte Carlo rank: 1/10000
 P-value: 0.0001

Lampiran 20. *Output Flexscan* Hasil Deteksi Kantong DBD dengan Jumlah Replikasi 9999 (Lanjutan)

8.Census areas included .: Kab.Ponorogo

Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Ponorogo to Kab.Ponorogo)

Number of cases: 394

(Expected number of cases: 288.008)

Overall relative risk .: 1.36802

Statistic value: 17.8549

Monte Carlo rank: 1/10000

P-value: 0.0001

9.Census areas included .: Kab.Bangkalan

Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Bangkalan to Kab.Bangkalan)

Number of cases: 596

(Expected number of cases: 472.233)

Overall relative risk .: 1.26209

Statistic value: 15.4905

Monte Carlo rank: 1/10000

P-value: 0.0001

10.Census areas included .: Kab.Jombang

Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Jombang to Kab.Jombang)

Number of cases: 474

(Expected number of cases: 376.384)

Overall relative risk .: 1.25935

Statistic value: 12.013

Monte Carlo rank: 1/10000

P-value: 0.0001

11.Census areas included .: Kab.Pasuruan

Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Pasuruan to Kab.Pasuruan)

Number of cases: 440

(Expected number of cases: 355.373)

Overall relative risk .: 1.23813

Statistic value: 9.60434

Monte Carlo rank: 7/10000

P-value: 0.0007

Lampiran 20. *Output Flexscan* Hasil Deteksi Kantong DBD dengan Jumlah Replikasi 9999 (Lanjutan)

12.Census areas included .: Kab.Situbondo
 Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Situbondo to Kab.Situbondo)
 Number of cases: 331
 (Expected number of cases: 261.174)
 Overall relative risk .: 1.26735
 Statistic value: 8.76358
 Monte Carlo rank: 12/10000
 P-value: 0.0012

13.Census areas included .: Kab.Situbondo
 Maximum distance.....: 0 km (areas: Kab.Situbondo to Kab.Situbondo)
 Number of cases: 331
 (Expected number of cases: 261.174)
 Overall relative risk .: 1.26735
 Statistic value: -1
 Monte Carlo rank: 10000/10000
 P-value: 1

*** There are no more secondary clusters ***

Lampiran 21. Syntax R yang digunakan

```
#Membaca data
tafegy=read.table("D:\\TAFEFY.txt", sep=";", header=T)
attach(tafegy)

#Pemodelan dengan regresi poisson
myformula=Y~X1+X2+X3+X4+X5
library(MASS)
modelpoisson=glm(myformula,family=poisson,data=tafegy)
summary(modelpoisson)

#Pemodelan dengan regresi Binomial Negatif (1)
library(MASS)
modelbinneg=glm(myformula,family=negative.binomial(8.5),data=tafegy)
summary(modelbinneg)

#Pemodelan dengan regresi Binomial Negatif (2)
library(MASS)
modelbinneg2=glm(myformula,family=negative.binomial(2),data=tafegy)
summary(modelbinneg2)

#Pemodelan dengan regresi Binomial Negatif (3)
library(MASS)
modelbinneg3=glm(myformula,family=negative.binomial(1.5),data=tafegy)
summary(modelbinneg3)

#Pemodelan dengan regresi Binomial Negatif (4)
library(MASS)
modelbinneg4=glm(myformula,family=negative.binomial(1.2),data=tafegy)
summary(modelbinneg4)

#Pemodelan dengan regresi Binomial Negatif (5)
library(MASS)
modelbinneg5=glm(myformula,family=negative.binomial(1.244),
  data=tafegy)
summary(modelbinneg5)
```

Lampiran 21. Syntax R yang digunakan (Lanjutan)

```

#Pemodelan dengan regresi Binomial Negatif (6)
library(MASS)
modelbinneg6=glm(myformula,family=negative.binomial(1.24327),data=t
  afefy)
summary(modelbinneg6)

##--Pengujian Aspek Spasial
#Uji Morans Manual
bobotmorans=read.table("D:\\bobotmorans.txt", sep=";", header=T)
---menghitung Snol---
matriks.botmorans=as.matrix(bobotmorans)
m=nrow(matriks.botmorans)
n=ncol(matriks.botmorans)
Snol=sum(matriks.botmorans)

---menghitung S_satu---
mat.s1=matrix(nrow=38,ncol=38)
for(m in 1:38)
for(n in 1:38)
{mat.s1[m,n]=(matriks.botmorans[m,n]+matriks.botmorans[n,m])**2}
S_satu=0.5*(sum(mat.s1))
S_satu

-----menghitung S-dua-----
jum_wi.=matrix(ncol=38,nrow=38)
for(m in 1:38)
for(n in 1:38)
{jum_wi.[m,n]=sum(matriks.botmorans[m,1:38])}
jumwi.=jum_wi.[1,]
jumwi.=as.matrix(jumwi.)

jum_w.j=matrix(ncol=38,nrow=38)
for(m in 1:38)
for(n in 1:38)
{jum_w.j[m,n]=sum(matriks.botmorans[1:38,n])}
jumw.j=jum_w.j[1,]
iumw.i=as.matrix(iumw.i)

```

Lampiran 21. Syntax R yang digunakan (Lanjutan)

```

S_dua=(jumwi.+jumw.j)**2
S_dua=sum(S_dua)
S_dua

----menghitung espektasi I---
n=ncol(bobotmorans)
E.Indeks=-(1/(n-1))
E.Indeks

---menghitung taksiran indeks---
ypenuh=tafey2$Y
ypenuh1=as.matrix(ypenuh)
ybar=mean(ypenuh1)
for(i in 1:38)
{y[i]=ypenuh1[i]-ybar}
Y.i.min.ybar=as.matrix(y)

varcovar=matrix(ncol=38,nrow=38)
for(m in 1:38)
for(n in 1:38)
{varcovar[m,n]=Y.i.min.ybar[m,1]*Y.i.min.ybar[n,1]}

*****perkalian matriks wij dg var covar*****
pembilang=matrix(ncol=38,nrow=38)
pembilang_sem=matriks.botmorans%%varcovar
jum_pembilang_sem=sum(pembilang_sem)
pembilang_asli=(n*jum_pembilang_sem)
penyebut=Snol*sum((Y.i.min.ybar)^2)
estimasi_I=pembilang_asli/penyebut

---var (I)---
var.i=((n**2)*S_satu-n*S_dua+3*(Snol**2)-E.Indeks**2)/(((n**2)-
1)*Snol**2)

---Z(I)---
Z.i=(estimasi_I-E.Indeks)/sqrt(var.i)
Z.i

```

Lampiran 21. Syntax R yang digunakan (Lanjutan)

```

#Uji BP
library(lmtest)
tes.BP=lm(myformula, data=tafegy)
bptest(tes.BP)

#Menghitung bandwidth untuk Uji Spasial
#Menghitung bandwidth optimum dg CV minimum
#gauss fix (Bandwidth=3,551283 CV=873121)
library(spgwr)
TAgauss.fix=ggwr.sel(myformula,data=tafegy,coords=cbind(U,V),adapt=F
,gweight=gwr.Gauss)
Bandwidth=3.55128
Bandwidth<-matrix(Bandwidth, nrow(tafegy),1)

#Menghitung jarak euclidean
U
U=as.matrix(U)
i=nrow(U)
V
V=as.matrix(V)
j=nrow(V)
library(fields)
jarak=matrix(nrow=37,ncol=37)
for(i in 1:37)
for(j in 1:37){jarak[i,j]=sqrt((U[i,]-U[j,])**2+(V[i,]-V[j,])**2)}
write.table(jarak,file="D:/jarak1.txt",sep=";")
write.table(jarak,file="D:/jarak1.csv",sep=";")

##PEMBOBOT dari setiap wilayah
bdwtGauss.Fix=Bandwidth
bdwtGauss.Fix
k=nrow(bdwtGauss.Fix)
pembobotB=matrix(nrow=37,ncol=37)
for(i in 1:37)
for(j in 1:37)
{pembobotB[i,j]=exp(-(jarak[i,j]/bdwtGauss.Fix[i,])**2)}
write.table(pembobotB,file="D:/pembobotB1.csv",sep=";")
write.table(pembobotB,file="D:/pembobotB1.txt",sep=";")

```

Lampiran 21. Syntax R yang digunakan (Lanjutan)

```

#Estimasi Parameter GWNBR
library(MASS)
games2=function(X,y,W1,phi1,b1){
  beta=matrix(c(0),20,7,byrow=T)
  #
  beta[1,1]=phi1
  #
  beta[1,2:7]=c(b1)
  satu<-rep(1,37)
  satu<-as.matrix(satu)
  #
  bxx <- c(b1)
  b01<-rbind(c(phi1,c(b1)))
  for(i in 1:20){
    Xb1<-as.matrix(X)%*%as.matrix(bxx)
    mu1<-exp(Xb1)
    delta11<-((log(1+phi1*mu1)-
      digamma(y+(1/phi1))+digamma(1/phi1))/phi1^2)+((y-
      mu1)/((1+phi1*mu1)*phi1))
    delta11<-as.matrix(delta11)
    p11<-t(satu)%*%W1)%*%delta11
    delta21<-(y-mu1)/(1+phi1*mu1)
    delta21<-as.matrix(delta21)
    p21<-t(X)%*%as.matrix(W1)%*%delta21
    p21<-as.matrix(p21)
    gt1<-rbind(p11,p21)
    delta31<-((trigamma(y+(1/phi1))-
      trigamma(1/phi1))/phi1^4)+((2*digamma(y+(1/phi1))-
      2*digamma(1/phi1)-
      2*log(1+phi1*mu1))/phi1^3)+((2*mu1)/(phi1^2*(1+phi1*mu1)))+((y+(
      1/phi1))*mu1^2)/(1+phi1*mu1)^2)-(y/phi1^2)
    delta31<-as.matrix(delta31)
    p31<-t(satu)%*%W1)%*%delta31
    p31<-as.matrix(p31)
    delta41<-mu1*(mu1-y)/(1+phi1*mu1)^2
    delta41<-as.matrix(delta41)
    p41<-t(X)%*%W1)%*%delta41
    p41<-as.matrix(p41)
  }
}

```

Lampiran 21. Syntax R yang digunakan (Lanjutan)

```

h11<-rbind(p31,p41)
delta51<-mu1*(phi1*y+1)/(1+phi1*mu1)^2
delta51<-t(delta51)
delta51<-c(delta51)
delta51<-as.matrix(diag(delta51))
p51<-t(X)%*%as.matrix(W1)%*%delta51%*%as.matrix(X)
p51<--1*p51
p51<-as.matrix(p51)
h21<-rbind(t(p41),p51)
H1<-cbind(h11,h21)
H11<-ginv(H1)
beta[i,]<-(t(b01)-H11%*%gt1)
phi1<-beta[i,1] #RBP
b01<-t(beta[i,]) #RBP
bxx<-beta[i,2:7] #RBP
}
return(list(beta=beta,hessian=H1))
}

gwnbr1 <- function(x,y,W,teta){
#
beta <- ginv(t(x) %*% x) %*% t(x) %*% y
beta<- as.matrix(modelbinneg6$coefficients) #RBP
param <- matrix(c(0),nrow(x),ncol(x)+1, byrow=T)
zhit <- matrix(c(0),nrow(x),ncol(x), byrow=T)
for(i in 1:37){
ww <- as.matrix(diag(W[i,]))
hit <- gemes2(x,y,ww,1.24327,beta)
parameter<- hit$beta #RBP
param[i,] <- hit$beta[20,]
write.csv(hit$hessian,file=paste("hessian",i,".csv"))
invh <- -ginv(as.matrix(hit$hessian))
for(j in 1:ncol(x)){
zhit[i,j] <- param[i,j+1] /sqrt(invh[j+1,j+1])
}
}
}
return(list(koefisien=param,Z_hitung=zhit,parameter=parameter)) #RBP
}

```


Lampiran 21. Syntax R yang digunakan (Lanjutan)

```

## Memanggil Program GWNBR##
bobot=pembobotB
xx=data[,2:6]
y=data[,1]
x=as.matrix(cbind(1,xx))
mod=gwnbr1(x,y,bobot,1.24327) #RBP
mod$Z_hitung
mod$koefisien
write.csv(mod$koefisien,file="D:/koefisien.csv")
write.csv(mod$Z_hitung,file="D:/Z_hitung.csv")

#Menghitung Nilai Devians
#NB
datay<-as.matrix(data[,1])
datax <- as.matrix(cbind(1,data[,2:6]))
tetanb= 1.24327
betanb<- as.matrix(modelbinneg6$coefficients)
muw<-as.matrix(rep(exp(betanb[1]),37))
slr<-matrix(0, nrow(data),1)
for(i in 1:nrow(data)){
  slr[i]<-0
  for(r in 1:datay[i])
    {slr[i]<-slr[i]+log(r+(1/tetanb))}
}
Lw<-sum(slr-lgamma(datay+1)+datay*log(tetanb*muw)-
  (datay+(1/tetanb))*log(1+tetanb*muw))
muo<-exp(datax%%*%betanb)
Lo<-sum(slr-lgamma(datay+1)+datay*log(tetanb*muo)-
  (datay+(1/tetanb))*log(1+tetanb*muo))
DNB<-2*(Lo-Lw)

#GWNBR
tetagw<-as.matrix(mod$koefisien[,1])
betagw<-as.matrix(mod$koefisien[,2:7])
muwgw<- as.matrix(exp(mod$koefisien[,2]))
muogw<-as.matrix(exp(apply(datax*betagw,1,sum)))
Dev=31/DNB
slr<-matrix(0, nrow(data),1)

```

Lampiran 21. Syntax R yang digunakan (Lanjutan)

```

for(i in 1:nrow(data)){
  slr[i]<-0
  for(r in 1:datay[i])
    {slr[i]<-slr[i]+log(r+(1/tetanb))}
}
Lwgw<-sum(slr-lgamma(datay+1)+datay*log(tetagw*muw gw)-
  (datay+(1/tetagw))*log(1+tetagw*muw gw))
Logw<-sum(slr-lgamma(datay+1)+datay*log(tetagw*muogw)-
  (datay+(1/tetagw))*log(1+tetagw*muogw))
DGWp<-(2*(Logw-Lwgw))
DGW<-Dev*(2*(Logw-Lwgw))

#Kesamaan Model Regresi
Fhit=DNB/DGWp

#Serentak
DGW

#Menghitung nilai AIC
ssegw<-sum((datay-muogw)^2)
aicgw<- nrow(data)*log(ssegw/ nrow(data))+(2*ncol(datax))
aicgw

#GWNBR untuk Pamekasan
#Membaca data
pamekasan=read.table("D:\\KhususPamekasan.txt", sep=";", header=T)
attach(pamekasan)

#Pemodelan dengan regresi poisson
myformula=Y~X1+X2+X3+X4+X5+X6+X7+X8+X9+X10+X11+X12+X
  13+X14+X15+X16+X17+X18+X19+X20+X21+X22+X23+X24+X25+
  X26+X27+X28+X29+X30+X31+X32+X33+X34+X35+X36+X37
library(MASS)
modelpoisson=glm(myformula,family=poisson,data=pamekasan)
summary(modelpoisson)

```

Lampiran 21. Syntax R yang digunakan (Lanjutan)

```

#Pemodelan dengan regresi Binomial Negatif (1)
library(MASS)
modelbinneg_1=glm(myformula,family=negative.binomial(1.24327),data=
  pamekasan)
summary(modelbinneg_1)

#Estimasi Parameter GWNBR
library(MASS)
games2=function(X,y,W1,phi1,b1){
  beta=matrix(c(0),20,39,byrow=T)
  #
  beta[1,1]=phi1
  #
  beta[1,2:39]=c(b1)
  satu<-rep(1,38)
  satu<-as.matrix(satu)
  #
  bxx <- c(b1)
  b01<-rbind(c(phi1,c(b1)))
  for(i in 1:20){
    Xb1<-as.matrix(X)%*%as.matrix(bxx)
    mu1<-exp(Xb1)
    delta11<-((log(1+phi1*mu1)-
      digamma(y+(1/phi1))+digamma(1/phi1))/phi1^2)+((y-
      mu1)/((1+phi1*mu1)*phi1))
    delta11<-as.matrix(delta11)
    p11<-t(satu)%*%W1)%*%delta11
    delta21<-(y-mu1)/(1+phi1*mu1)
    delta21<-as.matrix(delta21)
    p21<-t(X)%*%as.matrix(W1)%*%delta21
    p21<-as.matrix(p21)
    gt1<-rbind(p11,p21)
    delta31<-((trigamma(y+(1/phi1))-
      trigamma(1/phi1))/phi1^4)+((2*digamma(y+(1/phi1))-
      2*digamma(1/phi1)-
      2*log(1+phi1*mu1))/phi1^3)+((2*mu1)/(phi1^2*(1+phi1*mu1)))+(((y+(
      1/phi1))*mu1^2)/(1+phi1*mu1)^2)-(y/phi1^2)
    delta31<-as.matrix(delta31)
  }
}

```

Lampiran 21. Syntax R yang digunakan (Lanjutan)

```

p31<-t(satu)%*%W1)%*%delta31
p31<-as.matrix(p31)
delta41<-mu1*(mu1-y)/(1+phi1*mu1)^2
delta41<-as.matrix(delta41)
p41<-t(X)%*%W1)%*%delta41
p41<-as.matrix(p41)
h11<-rbind(p31,p41)
delta51<-mu1*(phi1*y+1)/(1+phi1*mu1)^2
delta51<-t(delta51)
delta51<-c(delta51)
delta51<-as.matrix(diag(delta51))
p51<-t(X)%*%as.matrix(W1)%*%delta51)%*%as.matrix(X)
p51<--1*p51
p51<-as.matrix(p51)
h21<-rbind(t(p41),p51)
H1<-cbind(h11,h21)
H1<-ginv(H1)
beta[i,]<-(t(b01)-H1)%*%gt1)
phi1<-beta[i,1] #RBP
b01<-t(beta[i,]) #RBP
bxx<-beta[i,2:39] #RBP
}
return(list(beta=beta,hessian=H1))
}

gwnbr1 <- function(x,y,W,teta){
#
beta <- ginv(t(x) %*% x) %*% t(x) %*% y
beta<- as.matrix(modelpoisson$coefficients) #RBP
param <- matrix(c(0),nrow(x),ncol(x)+1, byrow=T)
zhit <- matrix(c(0),nrow(x),ncol(x), byrow=T)
for(i in 1:38){
ww <- as.matrix(diag(W[i,]))
hit <- games2(x,y,ww,1.24327,beta)
parameter<- hit$beta #RBP
param[i,] <- hit$beta[20,]
write.csv(hit$hessian,file=paste("hessian",i,".csv"))
invh <- -ginv(as.matrix(hit$hessian))

```

Lampiran 21. Syntax R yang digunakan (Lanjutan)

```

for(j in 1:ncol(x)){
  zhit[i,j] <- param[i,j+1] /sqrt(invh[j+1,j+1])
}
}
return(list(koefisien=param,Z_hitung=zhit,parameter=parameter)) #RBP
}

## Memanggil Program GWNBR##
bobot=pembobotB
xx=pamekasan[,2:38]
y=pamekasan[,1]
x=as.matrix(cbind(1,xx))
modp=gwnbr1(x,y,bobot,1.24327) #RBP
modp$Z_hitung
modp$koefisien
write.csv(modp$koefisien,file="D:/koefisienp.csv")
write.csv(modp$Z_hitung,file="D:/Z_hitungp.csv")

```

DAFTAR PUSTAKA

- Agresti, A. (2002). *Categorical Data Analysis. Second Edition*. New York: John Wiley and Sons.
- Anselin, L. (1988). *Spatial Econometris: Methods and Models*. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers.
- Cameron, A. C., & Trivedi, P. K. (1998). *Regression Analysis of Count Data*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Dinas Kesehatan Provinsi Jawa Timur. (2014). *Profil Kesehatan Provinsi Jawa Timur Tahun 2013*. Surabaya: Dinas Kesehatan Provinsi Jawa Timur.
- Expert Health Data Programming. (2014). *What is Jenks Natural Breaks??* diakses dari <http://www.ehdp.com/vitalnet/breaks-1.htm> pada 30 desember 2015
- Famoye, F., Wulu, J., & Singh, K. (2004). On The Generalize Poisson Regression Model with an Application to Accident Data. *Journal of Data Science* 2, 287-295
- Greene, W. (2008). Functional forms for the negative binomial model for count data. *Economics Letters* 99(3) , 585-590.
- Hidayanti, U. (2015). *Pemodelan dan Pemetaan Jumlah Kasus DBD di Kota Surabaya dengan Geographically Weighted Negative Binomial Regression (GWNBR) dan Flexibly Shapes Spatial Scan Statistic*. Surabaya: Institut Teknologi Sepuluh Nopember.
- Hilbe, J. (2011). *Negative Binomial Regression, Second Edition*. New York: Cambridge University Press.
- Hocking, R. R. (1996). *Methods and applications of linear models: regression and the analysis of variance*. New York: John Wiley and Sons.
- Karyati, M.R & Hadinegoro, S.R. (2009). *Perubahan Epidemiologi Demam Berdarah Dengue Di Indonesia*. Jakarta. Departemen Ilmu Kesehatan Anak Rumah Sakit Dr. Cipto Mangunkusumo FKUI
- Kulldorff, M. (1997). A Spatial Scan Statistic. *Communication In Statistics Theory And Method*, 26(6),1481-1496.

- McCullagh, P., & Nelder, J. A. (1989). *Generalized linear models*. London: Chapman and Hall.
- Myers, R. H. (1990). *Classical and Modern Regression with Application*. Boston: PWS-KENT Publishing Company.
- Notoatmodjo, S. (2003). *Ilmu Kesehatan Masyarakat, Prinsip-Prinsip Dasar*. Jakarta: Rineka Cipta.
- Pratama, W. (2015). *Pemetaan Dan Pemodelan Jumlah Kasus Penyakit Tuberculosis (Tbc) Di Provinsi Jawa Barat Dengan Pendekatan Geographically Weighted Negative Binomial Regression (Gwnbr)*. Surabaya: Institut Teknologi Sepuluh Nopember.
- Putri, T.R.A., (2014). *Pemodelan Regresi Multilevel dengan Korelasi Error Spasial (Studi Kasus: Data Kejadian Demam Berdarah di Jawa Timur)*. Malang. Universitas Brawijaya.
- Ricardo, A., & Carvalho, T. (2013). *Geographically Weighted Negative Binomial Regression-Incorporating Overdispersion*. Business Media New York: Springer Science.
- Sigarlaki, H.J.O.(2012). *Karakteristik, Pengetahuan, dan Sikap Ibu terhadap Penyakit Demam Berdarah Dengue*. Jakarta. Universitas Kristen Indonesia.
- Tango, T. dan Takahashi, k. (2005). A Flexibly Shaped Spatal Scan Statistic For Detecting Clusters. *International Journal of Health Geographics*. Volume 4:11
- Tobing, TMDNL. (2011). *Pemodelan Kasus Demam Berdarah Dengue (DBD) di Jawa Timur dengan Model Poisson dan Binomial Negatif*. Bogor: Institut Pertanian Bogor.
- Walpole, R. E., (1995), *Introduction Statistics*, 3rd edition, terjemahan Bambang Soemantri, Bandung: Penerbit ITB.
- World Health Organization. (2009). *Dengue Guidelines for Diagnosis, treatment, Prevention and Control*. Diakses dari <http://www.who.int/tdr/> pada 22 Desember 2015.

BIODATA PENULIS



Penulis dilahirkan di Tuban, 8 April 1995 dengan nama lengkap Fefy Dita Sari, biasa dipanggil Fefy. Penulis merupakan anak ketiga dari pasangan Bapak Dislam dan Ibu Lasimah. Pendidikan formal yang ditempuh penulis adalah SDN Grabagan 1, SMP Negeri 1 Rengel dan SMA Negeri 1 Tuban. Pada tahun 2012 penulis diterima di Jurusan Statistika ITS melalui program Bidikmisi. Semasa kuliah penulis aktif dalam beberapa organisasi diantaranya, Tim Ahli Himasta-ITS (2013-2014), Koordinator Liputan Divisi Pers Himasta-ITS (2014-2015), koperasi Mahasiswa dr.Angka ITS (2012-2016), dan lainnya. Kepanitiaan yang dijalani penulis selama masa kuliah diantaranya Ketua Panitia Data Analysis Competition (DAC) Nasional tahun 2014, Koordinator Pasar Malam ITS EXPO tahun 2014 dan lainnya. Selama masa kuliah, penulis berkesempatan mendapat beberapa penghargaan diantaranya Juara II Lomba Debat *Diponegoro Science Challenge* tahun 2014, 2 PKM bidang P mendapat dana hibah, Juara III LKTI SIA UII, Finalis Gematik 8 bidang Data Mining dan lain sebagainya. Bagi pembaca yang ingin berdiskusi, memberikan saran dan kritik tentang Tugas Akhir ini dapat disampaikan melalui email fefydita429@gmail.com.